



등록특허 10-2764225



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2025년02월07일

(11) 등록번호 10-2764225

(24) 등록일자 2025년02월03일

- (51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 14/705 (2006.01) *A61P 35/00* (2006.01)
C12N 15/86 (2006.01) *C12N 5/0783* (2010.01)
- (52) CPC특허분류
C07K 14/70532 (2013.01)
A61P 35/00 (2018.01)
- (21) 출원번호 10-2023-7021192(분할)
- (22) 출원일자(국제) 2017년04월14일
 심사청구일자 2023년07월21일
- (85) 번역문제출일자 2023년06월22일
- (65) 공개번호 10-2023-0101931
- (43) 공개일자 2023년07월06일
- (62) 원출원 특허 10-2018-7033050
 원출원일자(국제) 2017년04월14일
 심사청구일자 2020년04월09일
- (86) 국제출원번호 PCT/US2017/027817
- (87) 국제공개번호 WO 2017/181152
 국제공개일자 2017년10월19일
- (30) 우선권주장
 62/323,595 2016년04월15일 미국(US)
 (뒷면에 계속)
- (56) 선행기술조사문헌
 W02002000717 A2*
 W02004029197 A2*
 *는 심사관에 의하여 인용된 문헌

- (73) 특허권자
 알파인 이문 사이언스즈, 인코포레이티드
 미국 워싱턴 98102 시애틀 스위트 200 이스트 블레인 스트리트 188
- (72) 발명자
 스완슨, 라이언
 미국 워싱턴 98119 시애틀 스위트 230 엘리엇 애비뉴 웨스트 201
 코르내커, 마이클
 미국 워싱턴 98119 시애틀 스위트 230 엘리엇 애비뉴 웨스트 201
- (74) 대리인
 박장원

전체 청구항 수 : 총 28 항

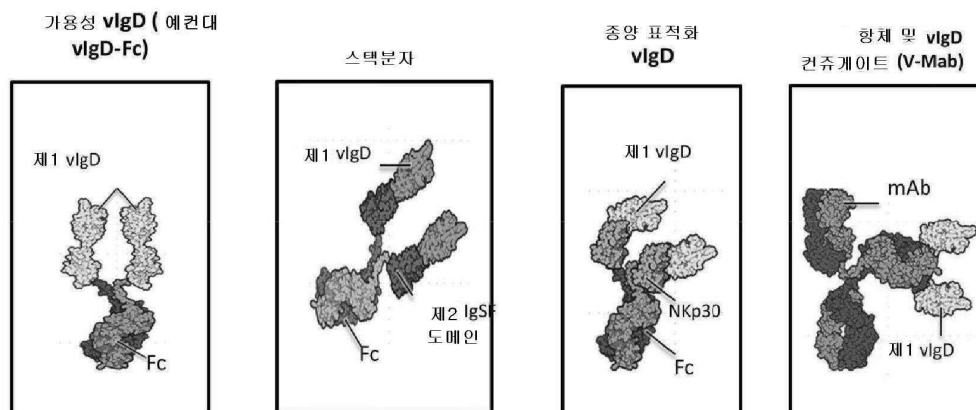
심사관 : 최연정

(54) 발명의 명칭 CD80 변이체 면역조절 단백질 및 그의 용도

(57) 요약

변이체 CD80 폴리펩타이드, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 면역조절 단백질, 및 이러한 단백질을 인코딩하는 핵산이 제공된다. 본 발명의 면역조절 단백질은 다양한 면역학적 및 종양학적 병태에 대한 치료적 유용성을 제공한다. 이러한 단백질의 제조 및 사용을 위한 조성물 및 방법도 제공된다.

대표도 - 도1a



(52) CPC특허분류

C07K 14/70503 (2013.01)
C12N 15/86 (2013.01)
C12N 5/0636 (2025.01)
C07K 2319/00 (2013.01)
C07K 2319/30 (2013.01)
C12N 2510/00 (2013.01)
C12N 2740/10041 (2013.01)

(30) 우선권주장

62/394,743	2016년09월14일	미국(US)
62/410,844	2016년10월20일	미국(US)
62/472,570	2017년03월16일	미국(US)
62/475,201	2017년03월22일	미국(US)

명세서

청구범위

청구항 1

CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер로서,

상기 CD80-Fc 융합체는 면역글로불린의 Fc 영역에 작동적으로 연결된 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하며, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인을 포함하고;

상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 아미노산 넘버링을 참조로 아미노산 치환 V68M을 포함하고;

상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 (i) SEQ ID NO: 28에 제시된 아미노산 서열 또는 (ii) SEQ ID NO: 1의 위치 35-141에서의 아미노산 서열과 적어도 93%의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩타이드이고; 및

상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28에 제시된 아미노산 서열을 포함하는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는, CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер.

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28 및 PD-L1의 엑토도메인에 비-경쟁적으로 결합하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер.

청구항 3

제1항에 있어서, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 아미노산 치환 V68M/L70P/L72P/K86E, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, 또는 V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A/G133D/N149S를 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер.

청구항 4

제1항에 있어서, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는:

IgV 도메인 및 IgC 도메인을 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер.

청구항 5

제1항에 있어서, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인만을 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер.

청구항 6

제1항에 있어서, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는,

SEQ ID NOs: 320, 321, 325 및 327 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열, 또는

SEQ ID NOs: 320, 321, 325 및 327 중 어느 하나와 적어도 95% 서열 동일성을 나타내고 아미노산 치환을 함유하는 아미노산 서열

을 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер.

청구항 7

제1항에 있어서, PD-L1의 엑토도메인에 대한 증가된 친화성은 상기 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합 친화성과 비교하여 2-배 이상 증가된 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다имер.

청구항 8

제1항에 있어서, Fc 영역은 감소된 이펙터 기능을 갖는 변이체 Fc 영역인 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 9

제8항에 있어서, Fc 영역은 아미노산 치환 N297A, N297Q, IgG1-N297G, IgG1-L234A/L235A, IgG1-L234A/L235E/G237A, IgG1-A325A/A330S/P331S, IgG1-C226S/C229S, IgG1-C226S/C229S/E233P/L234V/L235A, IgG1-E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, IgG1-L234F/L235E/P331S, IgG1-S267E/L328F, IgG2-V234A/G237A, IgG2-H268Q/V309L/A330S/A331S, IgG4-L235A/G237A/E318A, 또는 IgG4-L236E를 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 10

제1항에 있어서, Fc 영역은 IgG1으로부터의 Fc 영역이거나 또는 감소된 이펙터 기능을 갖는 변이체 IgG1 Fc 영역인 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 11

제10항에 있어서, Fc 영역은,

SEQ ID NO: 226에 제시된 아미노산 서열 또는

SEQ ID NO: 226와 적어도 85% 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열

을 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 12

제10항에 있어서, 변이체 IgG1 Fc 영역은 아미노산 치환 R292C/N297G/V302C를 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 13

제10항에 있어서, 변이체 IgG1 Fc 영역은 아미노산 치환 L234A/L235E/G237A를 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 14

제1항에 있어서, Fc 영역은 IgG2의 Fc 영역인 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 15

제1항에 있어서, Fc 영역은,

SEQ ID NO: 227에 제시된 아미노산 서열 또는

SEQ ID NO: 227과 적어도 85% 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열

을 포함하는 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 16

제1항에 있어서, Fc 영역은 IgG4의 Fc 영역이거나 또는 돌연변이 S228P를 함유하는 변이체 IgG4 Fc 영역인 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 17

제1항에 있어서, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 링커를 통해 Fc 영역에 간접적으로 연결된 것인 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이어머.

청구항 18

CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이머로서,

상기 CD80-Fc 융합체는 링커를 통해 면역글로불린의 Fc 영역에 연결된 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하며, 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인을 포함하고;

상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 아미노산 넘버링을 참조로 아미노산 치환 V68M을 포함하고;

상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 (i) SEQ ID NO: 28에 제시된 아미노산 서열 또는 (ii) SEQ ID NO: 1의 위치 35-141에서의 아미노산 서열과 적어도 93%의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩타이드이고;

상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28에 제시된 아미노산 서열을 포함하는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고; 및

상기 Fc 영역은 IgG1으로부터의 Fc 영역이거나 또는 감소된 이펙터 기능을 갖는 변이체 IgG1 Fc 영역인, CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이머.

청구항 19

제1항에 따른 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이머의 시험관 내 (in vitro) 제조방법으로서, 상기방법은 숙주 세포에서 Fc 융합 폴리펩타이드를 발현하는 조건 하에서 상기 숙주 세포 내로 상기 Fc 융합 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 또는 핵산 분자를 도입하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 20

제19항에 있어서, CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이머를 제조하기 위해 상기 세포로부터 CD80-Fc 융합체를 분리 또는 정제하는 단계를 더 포함하는 것인 방법.

청구항 21

제1항 내지 제18항 중 어느 하나의 항의 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이머 및 약학적으로 허용가능한 부형제를 포함하는, 대상자에 있어서 면역 반응을 조절하기 위한 의약 조성물로서,

상기 면역 반응은 증가되는 것인 의약 조성물.

청구항 22

제21항에 있어서, 상기 면역 반응의 조절은 대상자에 있어서 질병 또는 병태를 치료하는 것인 의약 조성물.

청구항 23

제22항에 있어서, 상기 질병 또는 병태는 종양 또는 암인 것인 의약 조성물.

청구항 24

제23항에 있어서, 상기 종양 또는 암은 흑색종, 폐암, 방광암, 혈액학적 악성종양, 간암, 뇌암, 신장암, 유방암, 췌장암, 대장암, 비장암, 전립선암, 고환암, 난소암, 자궁암, 위암, 근골격계암, 두경부암, 위장관암, 생식세포 암, 또는 내분비 및 신경 내분비 세포 암 중에서 선택되는 것인 의약 조성물.

청구항 25

제1항 내지 제18항 중 어느 하나의 항의 CD80-Fc 융합체의 정제된 호모다이머 및 약학적으로 허용가능한 부형제를 포함하는, 대상자에 있어서 종양 또는 암을 치료하기 위한 의약 조성물.

청구항 26

제25항에 있어서, 상기 종양 또는 암은 흑색종, 폐암, 방광암, 혈액학적 악성종양, 간암, 뇌암, 신장암, 유방암, 췌장암, 대장암, 비장암, 전립선암, 고환암, 난소암, 자궁암, 위암, 근골격계암, 두경부암, 위장관암, 생식세포 암, 또는 내분비 및 신경 내분비 세포 암 중에서 선택되는 것인, 의약 조성물.

청구항 27

제21항의 의약 조성물을 포함하는 제조 물품.

청구항 28

제25항의 의약 조성물을 포함하는 제조 물품.

청구항 29

삭제

청구항 30

삭제

청구항 31

삭제

청구항 32

삭제

청구항 33

삭제

청구항 34

삭제

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

삭제

청구항 41

삭제

청구항 42

삭제

청구항 43

삭제

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

청구항 48

삭제

청구항 49

삭제

청구항 50

삭제

청구항 51

삭제

청구항 52

삭제

청구항 53

삭제

청구항 54

삭제

청구항 55

삭제

청구항 56

삭제

청구항 57

삭제

청구항 58

삭제

청구항 59

삭제

청구항 60

삭제

청구항 61

삭제

청구항 62

삭제

청구항 63

삭제

청구항 64

삭제

청구항 65

삭제

청구항 66

삭제

청구항 67

삭제

청구항 68

삭제

청구항 69

삭제

청구항 70

삭제

청구항 71

삭제

청구항 72

삭제

청구항 73

삭제

청구항 74

삭제

청구항 75

삭제

청구항 76

삭제

청구항 77

삭제

청구항 78

삭제

청구항 79

삭제

청구항 80

삭제

청구항 81

삭제

청구항 82

삭제

청구항 83

삭제

청구항 84

삭제

청구항 85

삭제

청구항 86

삭제

청구항 87

삭제

청구항 88

삭제

청구항 89

삭제

청구항 90

삭제

청구항 91

삭제

청구항 92

삭제

청구항 93

삭제

청구항 94

삭제

청구항 95

삭제

청구항 96

삭제

청구항 97

삭제

청구항 98

삭제

청구항 99

삭제

청구항 100

삭제

청구항 101

삭제

청구항 102

삭제

청구항 103

삭제

청구항 104

삭제

청구항 105

삭제

청구항 106

삭제

청구항 107

삭제

청구항 108

삭제

청구항 109

삭제

청구항 110

삭제

청구항 111

삭제

청구항 112

삭제

청구항 113

삭제

청구항 114

삭제

청구항 115

삭제

청구항 116

삭제

청구항 117

삭제

청구항 118

삭제

청구항 119

삭제

청구항 120

삭제

청구항 121

삭제

청구항 122

삭제

청구항 123

삭제

청구항 124

삭제

청구항 125

삭제

청구항 126

삭제

청구항 127

삭제

청구항 128

삭제

청구항 129

삭제

청구항 130

삭제

청구항 131

삭제

청구항 132

삭제

청구항 133

삭제

청구항 134

삭제

청구항 135

삭제

청구항 136

삭제

청구항 137

삭제

청구항 138

삭제

청구항 139

삭제

청구항 140

삭제

청구항 141

삭제

청구항 142

삭제

청구항 143

삭제

청구항 144

삭제

청구항 145

삭제

청구항 146

삭제

청구항 147

삭제

청구항 148

삭제

청구항 149

삭제

청구항 150

삭제

청구항 151

삭제

청구항 152

삭제

청구항 153

삭제

청구항 154

삭제

청구항 155

삭제

청구항 156

삭제

청구항 157

삭제

청구항 158

삭제

청구항 159

삭제

청구항 160

삭제

청구항 161

삭제

청구항 162

삭제

청구항 163

삭제

청구항 164

삭제

청구항 165

삭제

청구항 166

삭제

청구항 167

삭제

청구항 168

삭제

청구항 169

삭제

청구항 170

삭제

청구항 171

삭제

청구항 172

삭제

청구항 173

삭제

청구항 174

삭제

청구항 175

삭제

청구항 176

삭제

청구항 177

삭제

청구항 178

삭제

청구항 179

삭제

청구항 180

삭제

청구항 181

삭제

청구항 182

삭제

청구항 183

삭제

청구항 184

삭제

청구항 185

삭제

청구항 186

삭제

청구항 187

삭제

청구항 188

삭제

청구항 189

삭제

청구항 190

삭제

청구항 191

삭제

청구항 192

삭제

청구항 193

삭제

청구항 194

삭제

청구항 195

삭제

발명의 설명

기술 분야

[0001] 관련 출원의 상호-참조

[0002] [1] 이 출원은 "CD80 리간드 변이체 면역조절 단백질 및 그의 용도"라는 제하의 2016년 4월 15일자 미국 가특허출원 No. 62/323,595, "CD80 리간드 변이체 면역조절 단백질 및 그의 용도"라는 제하의 2016년 9월 14일자 미국 가특허출원 No. 62/394,743, "ICOS 리간드 변이체 면역조절 단백질 및 그의 용도"라는 제하의 2016년 10월 20일자 미국 가특허출원 No. 62/410,844, "CD80 리간드 변이체 면역조절 단백질 및 그의 용도"라는 제하의 2017년 3월 16일자 미국 가특허출원 No. 62/472,570, 및 "CD80 리간드 변이체 면역조절 단백질 및 그의 용도"라는 제하의 2017년 3월 22일자 및 미국 가특허출원 No. 62/475,201에 기초한 우선권 주장 출원으로서 상기 각 출원의 내용은 그 전체가 참조 병합되었다.

[0003] 서열목록의 참조 병합

[0004] [2] 본원은 전자형태의 서열목록과 함께 출원된다. 이 서열목록은 파일명이 761612000440SeqList.txt이고 크기가 815,991 바이트이며 2017년 4월 13일에 생성되었다. 이 전자형태의 서열목록에 담긴 정보는 그 전체가 참조 병합되었다.

[0005] 분야

[0006] [3] 본 발명은 암 및 면역학적 질환의 치료에 있어 면역 반응을 조절하기 위한 치료 조성물에 관한 것이다. 일부 측면에서, 본 발명은 동족 결합 파트너에 대해 변경된 친화성을 나타내는 CD80의 특정 변이체에 관한 것이다.

배경 기술

배경

[4] 항원-제시 세포 (APC) 또는 표적 세포와 림프구에 의해 또는 이들 간에 형성된 면역학적 시냅스(IS)에서 일어나는 프로세스에 개입함으로써 면역 반응을 조절하는 것은 의학적으로 점점 큰 관심의 대상이 되고 있다. 기계학적으로, IS 내 세포 표면 단백질은 이들이 결합하는 단일 단백질과 복수의 단백질 표적의 조합으로도 종종 동시적인 상호반응과 연관될 수 있다.

발명의 내용

해결하려는 과제

IS 상호반응은 두 세포들 간의 정선과 밀접하게 연관되어 일어나며 이 구조 내 단일 단백질은 관련 세포(트랜스) 상의 단백질 뿐만 아니라 동일 세포(시스) 상의 단백질 양자 모두와 아마도 동시에 반응할 수 있다. 비록 IS를 조절하는 치료방법이 공지이긴 하지만, 개선된 치료법이 요구되고 있다. 본 발명에 따라 이러한 요구사항을 만족하며, 세포 상에서 발현될 수 있는 가용성 단백질 또는 막관통 면역조절 단백질을 비롯한 면역조절 단백질이 제공된다.

과제의 해결 수단

발명의 개요

[5] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편, IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편, 또는 양자 모두를 함유하는 변이체 CD80 폴리펩타이드가 제공되며 여기서 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편 내, SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 대응하는 위치(들) 4, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 24, 25, 27, 28, 29, 30, 31, 33, 36, 37, 38, 40, 41, 42, 43, 44, 47, 48, 50, 52, 53, 54, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 72, 74, 76, 77, 80, 81, 83, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 99, 102, 103, 104, 108, 107, 109, 110, 114, 115, 116, 117, 118, 120, 121, 122, 126, 127, 128, 129, 130, 133, 137, 140, 142, 143, 144, 148, 149, 152, 154, 160, 162, 164, 168, 169, 174, 175, 177, 178, 183, 178, 185, 188, 190, 192, 193, 또는 199에서 하나 이상의 아미노산 변형을 함유하는 것이다. 일부 구체예에서, 상기 하나 이상의 아미노산 변형은 하나 이상의 아미노산 치환, 삽입 또는 결실을 포함한다. 일부 구체예에서, 비변형 CD80은 포유동물 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편이다. 일부 구체예에서, 비변형 CD80은 인간 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는: IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편; 및 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함한다. 일부 구체예에서, 비변형 CD80은 (i) SEQ ID NO:28에 제시된 아미노산 서열, (ii) SEQ ID NO:28에 대해 적어도 95% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하거나; 또는 (iii) IgV 도메인 또는 IgC 도메인을 포함하는 그의 일부 또는 그의 특이적 결합 단편이다.

[6] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, IgV 도메인 또는 IgC 도메인의 특이적 결합 단편은 길이가 적어도 50, 60, 70, 80, 90, 100, 110 이상의 아미노산이고; IgV 도메인의 특이적 결합 단편은 SEQ ID NO:1의 아미노산 35-135에 제시된 IgV 도메인의 길이의 적어도 80%인 길이를 포함하거나; 또는 IgC 도메인의 특이적 결합 단편은 SEQ ID NO:1의 아미노산 145-230에 제시된 IgC 도메인의 길이의 적어도 80%인 길이를 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 최대 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 또는 20 아미노산 변형, 선택적으로 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 또는 그의 특이적 결합 단편에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80은 비변형 CD80과 비교시 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 변경된 결합 특이성을 나타낸다. 일부 사례에서, 변경된 결합은 변경된 결합 친화성 및/또는 변경된 결합 선택성이다.

[7] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M, K9E, E10R, V11S, A12G, A12T, A12V, T13N, L14A, S15V, S15F, C16S, C16G, C16L, G17W, H18L, H18R, H18Y, V20L, S21P, V22A, E24G, L25P, Q27R, T28A, T28S, R29C, R29D, R29H, R29V, I30V, Y31F, Y31H, Y31L, Q33H, K36E, K36G, K37E, K37Q, M38I, M38L, M38T, M38V, L40M, T41A, T41G, T41D, T41I, M42T, M43I, M43Q, M43R, M43V, S44P, M47T, N48I, N48D, W50G, E52G, Y53C, K54M, F59L, F59S, D60V, I61N, T62S, N63S, N64S, L65H, S66H, I67F, I67T,

V68A, V68M, I69T, L70Q, L70P, L70R, L72P, P74L, D76G, E77G, E77K, Y80N, E81A, E81R, E81V, V83A, V83I, L85I, L85R, K86E, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90L, D90N, A91E, A91G, A91S, A91T, F92L, F92N, F92P, F92Y, K93I, K93E, K93Q, K93R, K93V, R94G, R94L, R94F, E95K, H96R, L97R, E99G, E99D, L102S, S103L, S103P, V104A, V104L, D107N, F108L, P109S, P109H, T110A, S114T, D115G, F116S, F116L, E117V, E117G, I118V, I118A, I118T, T120S, S121P, N122S, I126L, I126V, I127T, C128Y, C128R, S129L, S129P, T130A, G133D, P137L, S140T, L142S, E143G, N144S, N144D, L148S, N149D, N149S, N152T, T154I, T154A, E160G, E162G, Y164H, S168G, K169E, K169I, K169S, M174T, M174V, T175A, N177S, H178R, L183H, K185E, H188D, H188Q, R190S, N192D, Q193L, T199S, 또는 그의 보존적 아미노산 치환이다.

[0014] [8] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편에서 하나 이상의 아미노산 결실을 포함하는 IgV 도메인 또는 IgC 도메인 또는 이의 특이적 결합 단편을 함유한다. 일부 구체예에서, 결실은 SEQ ID NO: 28의 위치 43에 대응한다.

[0015] [9] 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M/L70Q/A91G/T120S/T130A, A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, A12V/S15F/Y31H/T41G/T130A/P137L/N152T, V20L/L70Q/A91S/T120S/T130A, V22A/L70Q/S121P, E24G/L25P/L70Q/T120S, T28S/L70Q/A91G/E95K/T120S/T130A, E24G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/H96R, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, R29H/E52G/L70R/E88G/A91G/T130A, R29H/E52G/T120S/T130A, R29V/Y31F/K36G/M38L/M43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G, R29V/M43Q/E81R/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G, Y31H/T41G/L70Q/A91G/T120S/T130A, K36G, K36G/K37Q/M38I/L40M, K36G/K37Q/M38I/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99G/T130A/N149S, K36E/I67T/L70Q/A91G/T120S/T130A/N152T, K37E/F59S/L70Q/A91G/T120S/T130A, M38T/L70Q/E77G/A91G/T120S/T130A/N152T, M38V/T41D/M43I/W50G/D76G/V83A/K89E/T120S/T130A, T41I/A91G, S44P/L70Q/A91G/T130A, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, K54M/A91G/T120S, D60V/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, S66H/D90G/T110A/F116L, I67F/L70R/E88G/A91G/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, V68A/T110A, V68M/L70P/L72P/K86E, L70Q/A91G/T110A/T120S/T130A, L70Q/E81A/A91G/T120S/I127T/T130A, L70Q/Y87N/A91G/T130A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/E117G/T120S/T130A, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/T130A, L70Q/A91G/I118A/T20S/T130A, L70R/A91G/T120S/T130A, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89E/T130A, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S, A91G, A91G/F92L/F108L/T120S, A91G/L102S, A91G/S103P, A91G/T120S/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/M174T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D, H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/E143G/K169E/M174V/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/T120S/T130A/K169E/H18

8D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/H188D, R29D/Y31L/
Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E
/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/C128Y/T130A/H18
8D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/K169E,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169
E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93I/R94L/L97R/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93I/R94L/L97R/T130A/L148S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/T120S/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/F92P/K93V/R94F/I118V/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169
E/T175A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F116S/T130A/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/L142
S/H188D,
C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/T120S/I127T/T130A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/S103L/T120S/I127T/T130A, Q33
deleted/Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E,
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/S129L/H188D,
K9E/E10R/V11S/A12G/T13N/K14A/S15V/C16L/G17W/H18Y/Y53C/L70Q/ D90G/T130A/N149D/N152T/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H18
8D, K89E/K93E/T130A,
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/P109H/I126L/
K169I, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/
P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R,
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/D90N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N
149S/E162G,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
T130A/R190S,
C16G/V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/D76G/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T
130A/S140T/N149S/K169I/H178R/N192D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H18
8Q, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/
I118T/T130A/N149S/K169I,
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A
/G133D/N149S, S129P, A91G/S129P, I69T/L70Q/A91G/T120S, Y31H/S129P,
T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/ V104L/T130A/N149S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
T130A/N149S/T154I,

A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
L97R/T130A/L183H,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K16
9S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q19
3L,
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I,
I118T/C128R, Q27R/R29C/M42T/S129P/E160G, S129P/T154A, S21P/L70Q/D90G/T120S/T130A, L70Q/A91G/N144D,
L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A/K169E, V4M/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E,
L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A, V20L/L70Q/A91S/I118V/T120S/T130A,
L70Q/A91G/E117G/I118V/T120S/T130A, A91G/I118V/T120S/T130A, L70R/A91G/I118V/T120S/T130A/T199S,
L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A, T28S/L70Q/A91G/E95K/I118V/T120S/I126V/T130A/K169E,
N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, K36E/I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/N152T,
E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, K37E/F59S/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K185E,
D60V/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, K54M/L70Q/A91G/Y164H/T120S,
M38T/L70Q/E77G/A91G/I118V/T120S/T130A/N152T, Y31H/T41G/M43L/L70Q/A91G/I118V/T120S/I126V/T130A,
L65H/D90G/T110A/F116L, R29H/E52G/D90N/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S,
L70Q/A91G/T110A/I118V/T120S/T130A, M38V/T41D/M43I/W50G/D76G/V83A/K89E/I118V/T120S/I126V/T130A,
A12V/S15F/Y31H/M38L/T41G/M43L/D90N/T130A/P137L/N149D/N152T, I67F/L70R/E88G/A91G/I118V/T120S/T130A,
E24G/L25P/L70Q/A91G/I118V/T120S/N152T, A91G/F92L/F108L/I118V/T120S,
E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S,
K36G/K37Q/M38I/L40M/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99G/T130A/N149S, K36G/L40M,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K16
9E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/M17
4T,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48D/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T
/T130A/H188D,
H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/
T130A/K169E/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/E143G/K169E/M174V/H188D,
R29D/I30V/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H18
8D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E/H1
88D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/I118V/T120S/T130A/K16
9E/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/N149

D/K169E/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A
/K169E/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/C128Y/T13
0A/H188D, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99D/T130A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A
/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/I118V/T120S/I126
V/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118V/T120S/T130A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/L142S/H188D,
C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/I118V/H188
D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/S103L/I118V/T120S/I127T/T130A,Y53C/L85R/K89N/A9
1T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E,
Y53C/L70Q/D90G/T130A/N149D/N152T/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/H188D, 또는
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S이다.

[0016] [10] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 단편 및/또는 IgC 도메인 또는 그의 특이적 단편을 함유한다. 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 함유한다. 일부 구체예에서, IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편은 변이체 CD80 폴리펩타이드의 유일한 CD80 부분이다. 일부 구체예에서, IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편은 변이체 CD80 폴리펩타이드의 유일한 CD80 부분이다.

[0017] [11] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 includes SEQ ID NOS: 55-108, 280-346, 414-475 또는 그의 특이적 결합 단편 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열, SEQ ID NOS: 55-108, 280-346, 414-475 또는 그의 특이적 결합 단편 중 어느 하나에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내고 하나 이상의 아미노산 치환을 함유하는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함한다. 일부 구체예에서, IgV 도메인 또는 그의 특이적 단편은 변이체 CD80 폴리펩타이드의 유일한 CD80 부분이다. 일부 구체예에서, IgC 도메인 또는 그의 특이적 단편은 변이체 CD80 폴리펩타이드의 유일한 CD80 부분이다. 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NOS: 153-195, 347, 373-386, 476-477 또는 그의 특이적 결합 단편 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열, SEQ ID NOS: 153-195, 347, 373-386, 476-477 또는 그의 특이적 결합 단편에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내고 하나 이상의 아미노산 치환을 함유하는 아미노산 서열을 포함한다.

[0018] [12] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 변이체 폴리펩타이드는 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합에 비해 증가된 선택성으로 CD28, PD-L1 또는 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 측면에서, 증가된 선택성은 하나의 동족 결합 파트너 대 또 다른 동족 결합 파트너에 대한 비변형 CD80 폴리펩타이드의 결합 비율과 비교하여, CD28, PD-L1 및 CTLA-4로부터 선택된 하나의 동족 결합 파트너 대 또 다른 동족 결합 파트너의 비율이 더 큰 것을 포함한다.

[0019] [13] 일부 구체예에서, 변이체 폴리펩타이드는 CD28의 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합에 비해, CD28의 엑토도메인에 대해 증가된 선택성을 가지면서 특이적으로 결합한다. 일부 측면에서, 증가된 선택성은 비변형 CD80 폴리펩타이드의 CD28 대 PD-L1 또는 CTLA-4에 대한 결합 비율에 비해, CD28 대 PD-L1 또는 CTLA-4에 대해 더 큰 비율로 결합하는 것을 포함한다. 일부 경우에서, 상기 비율은 적어도 또는 적어도 약 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5배, 10배, 15배, 20배, 30배, 40배, 50배 이상 더 크다.

- [0020] [14] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 엑토도메인에 대한 증가된 친화성은 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합 친화성에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 60배 이상 증가된 것이다.
- [0021] [15] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 임의의 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 12, 18, 20, 29, 31, 36, 40, 41, 43, 52, 59, 60, 63, 67, 70, 77, 81, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 109, 114, 117, 118, 120, 122, 127, 130, 144, 169, 177 또는 199 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T, H18L, V20L, R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, T41I, M43V, E52G, F59L, D60V, N63S, I67T, L70Q, L70R, E77K, E81A, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, A91G, A91S, F92Y, K93R, D107N, P109S, S114T, E117G, I118A, I118T, I118V, T120S, I127T, T130A, N144D, K169E, N177S 및 T199S 및 이의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, V20L/L70Q/A91S/T120S/T130A, V20L/L70Q/A91S/I118V/T120S/T130A, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, T41I/A91G, E52G/L70/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, D60V/A91G/T120S/T130A, D60V/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, L70Q/E81A/A91G/T120S/I127T/T130A, L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A, L70Q/Y87N/A91G/T130A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/E117G/T120S/T130A, L70Q/A91G/E117G/I118V/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, L70R/A91G/T120S/T130A, L70R/A91G/I118V/T120S/T130A/T199S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S이다.
- [0022] [16] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 경우에서, 엑토도메인에 대한 증가된 친화성은 비변형 CD80의 엑토도메인에 대한 결합 친화성에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 60배 이상 증가된 것이다. 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 변이체 폴리펩타이드는 비변형 CD80의 엑토도메인에 대한 결합에 비해 증가된 선택성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 경우에서, 증가된 선택성은 비변형 CD80 폴리펩타이드의 PD-L1에 대한 결합 대 CD28 또는 CTLA-4에 대한 결합 비율에 비해, PD-L1에 대한 결합 대 CD28 또는 CTLA-4에 대한 결합 비율이 더 크다는 것을 포함한다. 일부 사례에서, 이 비율은 적어도 또는 적어도 약 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5배, 10배, 15배, 20배, 30배, 40배, 50배 이상 더 크다.
- [0023] [17] 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 12, 18, 29, 31, 33, 36, 38, 40, 41, 42, 43, 47, 59, 67, 70, 77, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 109, 118, 120, 122, 144, 148, 149, 또는 177 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T, H18L, R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, L40M, T41A, T41G, M42T, M43R, M43V, M47T, F59L, I67T, L70Q, E77K, E81V, L85R, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90N, A91G, A91T, F92P, F92Y, K93R, K93V, R94L, P109S, I118T, I118V, T120S, N122S, N144S, L148S, N149S, 및 N177S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 A91G이다.
- [0024] [18] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인 및 PD-L1의 엑토도메인과 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 12, 18, 36, 40, 43, 59, 77, 88, 89,

90, 91, 92, 93, 109, 118, 122, 177 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T, H18L, K36G, L40M, M43V, F59L, E77K, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118T, N112S, N177S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, K36G, K36G/L40M, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S이다.

[0025] [19] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 엑토도메인에 대한 증가된 친화성은 비변형 CD80의 엑토도메인에 대한 결합 친화성에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 60배 증가된 것이다. 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 변이체 폴리펩타이드는 비변형 CD80의 엑토도메인에 대한 결합에 비해 증가된 선택성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 경우에서, 증가된 선택성은 the 비변형 CD80 폴리펩타이드의 CTLA-4에 대한 결합 대 CD28 또는 PD-L1에 대한 결합 비율에 비해 CTLA-4에 대한 결합 대 CD28 또는 PD-L1에 대한 결합 비율이 더 큰 것을 포함한다. 일부 구체예에서, 상기 비율은 적어도 또는 적어도 약 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5배, 10배, 15배, 20배, 30배, 40배, 50배 이상 더 큰 것이다.

[0026] [20] 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 4, 29, 31, 36, 40, 41, 52, 67, 68, 70, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 109, 110, 118, 120, 130, 144, 또는 169 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M, R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, E52G, I67T, V68A, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, A91G, F92Y, K93R, D107N, P109S, T110A, I118V, T120S, T130A, N144D, 및 K169E 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M/L70Q/A91G/T120S/T130A, V4M/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, V68A/T110A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/T130A, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G/I118V/T120S/T130A, or A91G/T120S/T130A이다.

[0027] [21] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로, CD28의 엑토도메인 및 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 36, 40, 52, 70, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 118, 120, 130, 144, 또는 169 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, L40M, E52G, L70Q, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, D107N, I118V, T120S, T130A, N144D, 및 K169E, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, K36G/L40M, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R이다.

[0028] [22] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인 및 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 29, 31, 36, 40, 41, 67, 70, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 109, 118, 120, 122, 또는 178 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, I67T, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90N, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118V, T120S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R이다.

[0029] [23] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로, CD28의 엑토도메인, PD-L1의 엑토도메인, 및 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 36, 40, 88, 89, 90, 91, 92, 또는 93 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, L40M, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예

에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, K36G/L40M, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R이다.

[0030] [24] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인 또는 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 29, 31, 33, 36, 38, 41, 42, 43, 47, 63, 67, 70, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 109, 114, 118, 120, 127, 130, 144, 148, 또는 149 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, T41G, M42T, M43R, M47T, N63S, I67T, L70Q, E81A, E81V, L85R, Y87N, E88G, K89E, K89N, D90N, A91G, A91T, F92P, K93V, R94L, P109S, S114T, I118T, I118V, T120S, I127T, T130A, N144S, L148S, 및 N149S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, 또는 L70Q/Y87N/A91G/T120S/I127T/T130A이다.

[0031] [25] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 63, 70, 81, 87, 91, 114, 118, 120, 127, 또는 130 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 N63S, L70Q, E81A, Y87N, A91G, S114T, I118V, T120S, I127T, 및 T130A, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, 또는 L70Q/Y87N/A91G/T120S/I127T/T130A이다.

[0032] [26] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 29, 31, 33, 36, 38, 41, 42, 43, 47, 67, 70, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 109, 118, 120, 144, 148, 149 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, T41G, M42T, M43R, M47T, I67T, L70Q, E81V, L85R, Y87N, E88G, K89E, K89N, D90N, A91G, A91T, F92P, K93V, R94L, P109S, I118T, I118V, T120S, N144S, L148S, 및 N149S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, 또는 I67T/L70Q/A91G/T120S이다.

[0033] [27] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인 및 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 70, 81, 87, 91, 또는 120 위치(들)에 대응한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 L70Q, Y87N, A91G, 및 T120S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[0034] [28] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, CD28은 인간 CD28이다. 일부 구체예에서,

PD-L1은 인간 PD-L1이다. 일부 구체예에서, CTLA-4는 인간 CTLA-4이다.

- [0035] [29] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 결합 활성은 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배 40배 또는 50배 이상 변경(증가 또는 감소)된 것이다.
- [0036] [30] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 가용성 단백질이다.
- [0037] [31] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 멀티머화 도메인에 연결된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 멀티머화 도메인에 연결된 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 멀티머화 도메인에 연결된 제2 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는, 멀티머 폴리펩타이드, 선택적으로 다imer 폴리펩타이드이다. 일부 구체예에서, 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 제2 변이체 CD80 폴리펩타이드는 같거나 다르다. 일부 구체예에서, 멀티머화 도메인은 이펙터 기능이 감소된 Fc 도메인 또는 그의 변이체이다.
- [0038] [32] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 폴리펩타이드의 생물학적 반감기를 증가시키는 모이어티에 연결된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 이펙터 기능이 감소된 Fc 도메인 또는 그의 변이체에 연결된다. 일부 구체예에서, Fc 도메인은 포유동물, 선택적으로 인간이거나; 또는 변이체 Fc 도메인은 포유동물, 선택적으로 인간인, 비변형 Fc 도메인에 비해 하나 이상의 아미노산 변형을 함유한다. 일부 구체예에서, Fc 도메인 또는 그의 변이체는 SEQ ID NO:226 또는 SEQ ID NO:227에 제시된 서열 또는 SEQ ID NO:226 또는 SEQ ID NO:227에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 함유한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 링커를 통해 간접적으로 연결된다.
- [0039] [33] 막관통 면역조절 단백질인 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 변이체 CD80 폴리펩타이드의 세포외 도메인 (ECD) 또는 그의 특이적 결합 단편에 연결된 막관통 도메인을 더 함유한다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 SEQ ID NO: 1의 잔기 243-263에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO: 1의 잔기 243-263에 대해 적어도 85% 서열 동일성을 나타내는 그의 변이체를 함유한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 막관통 도메인에 연결된 세포질 시그널링 도메인을 더 함유한다. 일부 구체예에서, 세포질 시그널링 도메인은 SEQ ID NO: 1의 잔기 264-288에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO: 1의 잔기 264-288에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내는 그의 기능성 변이체를 함유한다.
- [0040] [34] 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80은 시험관내 일차 T-세포 분석 (in vitro primary T-cell assay)에서 비변형 CD80에 비해 IFN-감마 (인터페론-감마) 발현을 증가시킨다. 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80은 시험관내 일차 T-세포 분석에서 비변형 CD80에 비해 IFN-감마 (인터페론-감마) 발현을 감소시킨다. 변이체 CD80 폴리펩타이드들 중 어느 하나의 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 탈글리코실화된다.
- [0041] [35] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 면역글로불린 슈퍼패밀리 (IgSF) 도메인을 포함하는 제2 폴리펩타이드에 연결된 본 발명의 임의의 구체예에 따른 변이체 CD80을 포함하는 면역조절 폴리펩타이드가 제공된다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 친화성 변형되어, 비변형 또는 야생형 IgSF 도메인에 비해 하나 이상의 그의 동족 결합 파트너(들)에 대해 변경된 결합을 나타낸다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 비변형 또는 야생형 IgSF 도메인에 비해 하나 이상의 그의 동족 결합 파트너(들)에 대해 증가된 결합을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80은 제1 변이체 CD80이고 제2 폴리펩타이드의 IgSF 도메인은 본 발명의 어느 하나의 구체예에 따른 제2 변이체 CD80으로부터의 IgSF 도메인으로서, 여기서 제1 및 제2 변이체 CD80은 같거나 다른 것이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4에 특이적으로 결합할 수 있고, 제2 폴리펩타이드의 IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 다른 동족 결합 파트너에 결합할 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28 또는 PD-L1에 특이적으로 결합할 수 있고, IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 다른 동족 결합 파트너에 결합할 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CTLA-4 또는 PD-L1에 특이적으로 결합할 수 있고, IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 다른 동족 결합 파트너에 결합할 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CTLA-4 또는 PD-L1에 특이적으로 결합할 수 있고 IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 다른 동족 결합 파트너에 결합할 수

있다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 B7 패밀리의 멤버로부터 유래한다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 종양에서 발현된 리간드에 결합하는 중앙-위치화 모이어티이다. 일부 구체예에서, 리간드는 B7H6이다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 Nkp30으로부터 유래한다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 친화성 변형되어 비변형 또는 야생형 IgSF 도메인에 비해, 하나 이상의 그의 동족 결합 파트너(들)에 대해 증가된 결합을 나타낸다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 IgV 도메인이거나 또는 이를 함유한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인이거나 또는 이를 함유한다.

[0042] [36] 임의의 어느 하나의 면역조절 단백질의 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 IgSF 도메인을 포함하는 제2 폴리펩타이드 및 변이체 CD80 폴리펩타이드 중 어느 하나 또는 두 가지 모두에 연결된 멀티머화 도메인을 함유한다. 일부 구체예에서, 멀티머화 도메인은 이펙터 기능이 감소된 Fc 도메인 또는 그의 변이체이다. 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 다이머이다. 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 호모다이머이다. 일부 경우에서, 면역조절 단백질은 헥테로다이머이다.

[0043] [37] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 변이체 CD80 또는 모이어티에 연결된 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 면역조절 폴리펩타이드가 제공된다. 일부 구체예에서, 상기 모이어티는 세포 표면 상의 분자에 특이적으로 결합하는 표적화 모이어티이다. 일부 구체예에서, 표적화 모이어티는 면역 세포의 표면 상의 분자에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 면역 세포는 항원 제시 세포 또는 림프구이다. 일부 구체예에서, 표적화 모이어티는 중앙 표면 상에 분자에 결합하는 중앙-위치화 모이어티이다. 일부 구체예에서, 모이어티는 단백질, 펩타이드, 핵산, 소분자 또는 나노입자이다. 일부 구체예에서, 모이어티는 항체 또는 항원-결합 단편이다. 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 컨주게이트는 2가, 4가, 6가 또는 8가이다.

[0044] [38] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 변이체 CD80을 인코딩하는 핵산 분자 또는 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 면역조절 폴리펩타이드가 제공된다. 일부 구체예에서, 핵산 분자는 합성 핵산이다. 일부 구체예에서, 핵산은 cDNA이다.

[0045] [39] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예의 핵산을 포함하는 벡터가 제공된다. 일부 구체예에서, 벡터는 발현 벡터이다.

[0046] [40] 일부 구체예에서, 벡터는 포유동물 벡터 또는 바이러스 벡터이다.

[0047] [41] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따라 *fms* 벡터를 포함하는 세포가 제공된다. 일부 구체예에서, 세포는 포유동물 세포이다. 일부 구체예에서, 세포는 인간 세포이다.

[0048] [42] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 핵산 분자 또는 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 벡터를, 세포에서 단백질을 발현하기 위한 조건 하에 숙주 세포 내로 도입하는 것을 포함하는, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질의 제조방법이 제공된다. 일부 구체예에서, 이 방법은 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 세포로부터 분리 또는 정제하는 것도 포함한다.

[0049] [43] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본 발명에 설명된 임의의 구체예에 따른 변이체 CD80 폴리펩타이드를 코딩하는 핵산 분자를 숙주 세포 내로 폴리펩타이드가 상기 세포에서 발현되는 조건 하에 도입하는 것을 포함하는, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 발현하는 세포의 조작 방법이 제공된다.

[0050] [44] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 변이체 CD80 폴리펩타이드를 발현하는 조작된 세포, 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 면역조절 단백질, 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 핵산 분자, 또는 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 벡터가 제공된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 시그널 펩타이드를 함유한다. 일부 측면에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 막관통 도메인을 함유하지 않으며 및/또는 세포 표면에서 발현되지 않는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 조작된 세포로부터 분리된다.

[0051] [45] 일부 구체예에서, 조작된 세포는 막관통 도메인을 함유하는 변이체 CD80 폴리펩타이드를 함유하며 및/또는 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 막관통 면역조절 단백질이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 세포 표면에서 발현된다.

[0052] [46] 일부 구체예에서, 조작된 세포는 면역 세포이다. 일부 구체예에서, 면역 세포는 항원 제시 세포 (APC) 또는 림프구이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 일차 세포(primary cell)이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포

는 포유동물 세포이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 인간 세포이다. 일부 구체예에서, 림프구는 T 세포이다. 일부 구체예에서, APC는 인공 APC이다.

[0053] [47] 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 조작된 세포는 키메라 항원 수용체 (CAR) 또는 조작된(engineered) T-세포 수용체를 함유한다.

[0054] [48] 또한 본원에 설명된 임의의 구체예에 따른 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 본원에 설명된 임의의 구체예에 따른 면역조절 폴리펩타이드를 코딩하는 핵산 분자를 포함하는 감염 물질(infectious agent)도 제공된다. 일부 사례에서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 막관통 도메인을 함유하지 않거나 및/또는 이들이 그 내부에서 발현되는 세포의 표면에서 발현되지 않는다. 일부 구체예에서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 이들이 그 내부에서 발현되는 세포로부터 분비된다. 일부 측면에서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드는 막관통 도메인을 함유한다. 일부 측면에서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드는 이들이 그 내부에서 발현되는 세포의 표면에서 발현된다.

[0055] [49] 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 감염 물질은 세균 또는 바이러스이다. 일부 경우에서, 바이러스는 항암 바이러스(oncolytic virus)이다. 일부 구체예에서, 항암 바이러스는 아데노바이러스, 아데노-관련 바이러스, 헤르페스 바이러스, 대상포진 바이러스, 수포성 구내염 바이러스, 레오바이러스, 뉴캐슬병 바이러스, 파보 바이러스, 홍역 바이러스, 수포성 구내염 바이러스 (VSV), 콕사키 바이러스 또는 백시니아 바이러스이다. 일부 구체예에서, 바이러스는 구체적으로 수지상 세포 (DC)를 표적으로 삼거나 및/또는 수지상 세포-지향성(dendritic cell-tropic)이다. 경우에 따라 바이러스는 변형된 신드비스 바이러스 엔벨로프 산물로 슈도타이프된 렌티바이러스 벡터이다.

[0056] [50] 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 감염 물질은 표적 세포의 사멸을 야기하거나 또는 면역 반응을 개시 또는 부스트할 수 있는 또 다른 유전자 산물을 인코딩하는 핵산 분자를 더 함유한다. 일부 구체예에서, 이러한 추가의 유전자 산물은 항암제, 항대사제, 항혈관형성제, 면역조절 분자, 면역 체크포인트 억제제, 항체, 사이토카인, 성장 인자, 항원, 세포독성 유전자 산물, 프로-아포토시스 유전표토시스 유전자 산물, 항-아포토시스 유전자 산물, 세포 매트릭스 분해 유전자, 조직 재생을 위한 유전자 또는 인간의 체세포를 다분화능으로 재프로그래밍하는 유전자로부터 선택된다.

[0057] [51] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 임의의 구체예에 따른 변이체 CD80 폴리펩타이드, 본원에 설명된 임의의 구체예에 따른 면역조절 단백질, 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 컨쥬게이트, 또는 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 조작된 세포를 포함하는, 의약 조성물이 제공된다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 약학적으로 허용가능한 부형제를 더 포함한다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 멸균성이다.

[0058] [52] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 임의의 구체예에 따른 의약 조성물을 바이알에 포함하는 제조 물품이 제공된다. 일부 구체예에서, 바이알은 밀봉된 것이다

[0059] [53] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 의약 조성물을 사용 지침을 포함하는 키트가 제공된다. 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 제조 물품 및 사용 지침을 포함하는 키트가 제공된다.

[0060] [54] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 본원에 설명된 임의의 구체예에 따른 의약 조성물을 대상자에게 투여하는 것을 포함하는, 대상자에 있어서 면역 반응을 조절하는 방법이 제공된다. 일부 구체예에서, 이러한 방법은 본원에 설명된 임의의 구체예에 따른 조작된 세포를 투여하는 것을 포함한다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 대상자에게 자가(autologous)이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 대상자에게 동종(allogenic)이다.

[0061] [55] 일부 구체예에서, 면역 반응의 조절은 대상자에 있어서 질병 또는 병태(condition)을 치료한다. 일부 구체예에서, 면역 반응은 증가된다. 일부 구체예에서, 종양-위치화(tumor-localizing) 모이어티에 연결된 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 면역조절 단백질 또는 컨쥬게이트가 대상자에게 투여된다. 일부 경우에서, 종양-위치화 모이어티는 종양 항원을 인식하는 결합 분자이거나 또는 종양 항원을 인식하는 결합 분자를 함유한다. 일부 사례에서 상기 결합 분자는 항체 또는 그의 항원-결합 단편을 함유하거나 또는 아생형 IgSF 도메인 또는 그의 변이체를 함유한다.

[0062] [56] 일부 구체예에서, 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 면역조절 단백질 또는 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 컨쥬게이트를 포함하는 의약 조성물이 대상자에게 투여된다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질인 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 조작된 세포가 대상자에게 투여되거나 및/또는 본원에 설

명된 어느 하나의 구체예에 따른 조작된 세포가 대상자에게 투여된다.

- [0063] [57] 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질인 변이체 CD80 폴리펩타이드를 인코딩하는 감염 물질이, 선택적으로, 상기 감염 물질이 종양 세포 또는 면역 세포를 감염시켜 막관통 면역조절 단백질이 상기 감염된 세포의 표면에서 발현되는 조건 하에서, 대상자에게 투여된다. 일부 측면에서, 막관통 면역조절 단백질은 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 막관통 면역조절 단백질이다.
- [0064] [58] 일부 구체예에서, 질병 또는 병태는 종양 또는 암이다. 일부 구체예에서, 질병 또는 병태는 흑색종, 폐암, 방광암, 혈액학적 악성종양, 간암, 뇌암, 신장암, 유방암, 췌장암, 대장암, 비장암, 전립선암, 고환암, 난소암, 자궁암, 위암, 근골격계암, 두경부암, 위장관암, 생식세포 암, 또는 내분비 및 신경 내분비 세포 암으로부터 선택된다.
- [0065] [59] 일부 구체예에서, 면역 반응은 면역 반응을 조절하는 본 발명의 방법에 의해 감소된다.
- [0066] [60] 일부 구체예에서, 가용성인 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질이 대상자에게 투여된다. 일부 경우에서, 가용성 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 Fc 융합 단백질이다. 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 변이체 CD80 폴리펩타이드, 또는 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 면역조절 단백질을 포함하는 의약 조성물이 대상자에게 투여된다. 일부 구체예에서, 분비가능한 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 조작된 세포가 대상자에게 투여된다. 일부 구체예에서, 본원에 설명된 어느 하나의 구체예에 따른 조작된 세포가 대상자에게 투여된다.
- [0067] [61] 일부 구체예에서, 분비가능한 면역조절 단백질인 변이체 CD80 폴리펩타이드를 인코딩하는 감염 물질이, 선택적으로 상기 감염 물질이 종양 세포 또는 면역 세포를 감염시켜 분비가능한 면역조절 단백질이 감염된 세포로부터 분비되도록 하는 조건 하에서, 대상자에게 투여된다.
- [0068] [62] 임의의 이러한 구체예들 중 일부에서, 질병 또는 병태는 염증성 또는 자가면역 질병 또는 병태이다. 일부 구체예에서, 질병 또는 병태는 항호중구 세포질 항체 (ANCA)-관련 혈관염, 혈관염, 자가면역 피부 질환, 이식, 류마티스성 질환, 염증성 위장관 질환, 염증성 안질환, 염증성 신경 질환, 염증성 폐질환, 염증성 내분비 질환, 또는 자가면역 혈액학적 질환이다. 일부 구체예에서, 질병 또는 병태는 염증성 장질환, 골이식, 크론씨병, 췌양성 대장염, 다발성 경화증, 천식, 류마티스성 관절염 또는 건선으로부터 선택된다.

도면의 간단한 설명

- [0069] [63] 도 1A-1C는 제공된 변이체 IgSF 도메인 분자의 다양한 포맷을 도시한 도면이다. 도 1A는: (1) Fc 사슬에 융합된, 변이체 IgSF 도메인 (vIgD), 예컨대 변이체 CD80; (2) 제1 변이체 IgSF 도메인 (제1 vIgD), 예컨대 변이체 CD80, 및 제2 IgSF 도메인, 예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인 (제2 vIgD)를 함유하는 적층 분자; (3) 제1 변이체 IgSF 도메인 (vIgD), 예컨대 변이체 CD80, 및 종양 항원을 표적화하는 IgSF 도메인, 예컨대 Nkp30 IgSF 도메인을 함유하는 종양 표적화 IgSF 분자; 및 (4) 항체 (V-Mab)에 연결된, 변이체 IgSF 도메인 (vIgD), 예컨대 변이체 CD80를 비롯한 가용성 분자를 도시한 도면이다. 도 1B는 세포 표면에서 발현된 변이체 IgSF 도메인 (vIgD)을 함유하는 막관통 면역조절 단백질 (TIP)을 나타낸 도면이다. 예시적인 일 구체예에서, 막관통 결합 vIgD의 동족 결합 파트너는 공동자극 수용체이고 vIgD를 함유하는 TIP(예컨대 CD80 vIgD)는 공동자극 수용체를 자극하여 TIP가 공동자극 수용체를 발현하는 세포에서 양성 시그널을 유도한다. 도 1C는 변이체 IgSF 도메인 (vIgD)이 세포, 예컨대 제1 T 세포 (예컨대 CAR T 세포)로부터 분비되는, 분비된 면역조절 단백질 (SIP)을 나타낸다. 예시적인 일 구체예에서, 분비된, vIgD의 동족 결합 파트너는 제1 세포 (예컨대 T 세포) 및/또는 제2 세포 (예컨대 T 세포; 내인성 또는 조작된, 예컨대 CAR T 세포) 상에서 발현될 수 있는, 예컨대 CD28과 같은 활성화 수용체이다. SIP가 그의 동족 결합 파트너와 결합되면, 활성화 수용체를 통한 시그널링이 차단된다. 모든 경우, vIgD는 V-도메인 (IgV) 단독, 조합 전체 세포의 도메인(ECD)을 비롯하여, V-도메인 (IgV)과 C-도메인 (IgC)의 조합, 또는 IgSF 슈퍼패밀리 멤버의 Ig 도메인들의 임의 조합일 수 있다.
- [64] 도 2는 vIgD가 CD80의 IgSF 도메인의 변이체인 Fc (vIgD-Fc)에 융합된 변이체 IgSF 도메인 (vIgD)의 활성화를 나타내는 예시적인 개략도이다. 도시된 바와 같이, CD80의 가용성 vIgD는 그의 동족 결합 파트너와 상호작용하여 CD28의 상호 작용을 각각 차단함으로써 CD28 공동자극 수용체에 의한 공동자극을 차단한다.
- [65] 도 3은 변이체 IgSF 도메인 (vIgD)을 종양 세포에 위치시키기 위한 적층 분자의 예시적인 개략도이다. 이 포맷에서 적층 분자는 제1 변이체 IgSF 도메인 (first vIgD) 및 제2 IgSF 도메인 (예컨대 제2 vIgD)를 포함하는데 여기서 상기 제2 IgSF 도메인 (예컨대 제2 vIgD)은 종양 항원에 결합하는 종양-표적화된 IgSF 도메인이다.

예시적인 종양-표적화된 IgSF 도메인은 종양 항원 B7-H6에 결합하는 Nkp30의 IgSF 도메인이다. 이 그림에서 vIgD는 CD80의 IgSF 도메인의 변이체이다. 도시된 바와 같이, 종양-표적화된 IgSF 도메인의 종양 세포 표면에 대한 결합은 종양 세포 표면에서 제1 vIgD를 국소화하는데 여기서 이것은 인접 면역 세포(예컨대 T 세포) 표면에서 발현되는 그의 동족 결합 파트너 (예컨대 CD28)들 중 하나 이상과 상호작용하여 공동자극 수용체를 자극시킬 수 있다.

[66] 도 4는 제1 변이체 IgSF 도메인 (제1 vIgD) 및 제2 IgSF 도메인, 예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인 (제2 vIgD)을 함유하는 적층 분자의 예시적인 다양한 배열을 나타낸 도면이다. 도시된 바와 같이, 제1 vIgD 및 제2 IgSF 도메인은 Fc 서브유닛의 N-또는 C-말단에 직접 또는 간접적으로 독립적으로 연결된다. 호모다имер Fc 분자 생성에 있어, Fc 서브유닛은 세포 내 개별적인 Fc 서브유닛의 공동-발현에 의해 맺쳐진 Fc 서브유닛과 호모다имер을 형성할 수 있는 것이다. 헤테로다имер Fc 분자 생성에 있어, 개별적인 Fc 서브유닛들은 돌연변이(예컨대 CH3 도메인에 있어 "구멍에 손잡이(knob-into-hole)" 돌연변이)를 함유하여, 상기 개별적인 Fc 서브유닛들이 세포에서 공동발현될 경우 호모다имер에 비해 헤테로다имер 형성이 선호된다.

[67] 도 5는 항체 (V-Mab)에 컨쥬게이트된 변이체 IgSF 도메인 (vIgD)의 활성화를 예시적으로 도시한 도면으로서 여기서 상기 항체 (예컨대 항-HER2 항체)는 종양 세포의 표면 상의 항원과 결합하는 것이다. 이 도면에서, vIgD는 CD80의 IgSF 도메인의 변이체이다. 도시된 바와 같이, 종양 세포 표면에 대한 항체 결합은 종양 세포 표면에서 vID를 국소화하는데 여기서 이것은 인접 면역 세포(예컨대 T 세포) 표면에서 발현되는 그의 동족 결합 파트너들 중 하나 이상과 상호작용하여 수용체 시그널링을 자극시킬 수 있다. 도시된 예시적인 일 구체예에서, 변이체 IgSF 도메인 (vIgD)은 CD80의 IgSF 도메인의 변이체이다. CD80 vIgD의 CD28 공동자극 수용체에 대한 결합은 아고니스트 또는 공동자극 시그널을 제공한다.

[68] 도 6A-6C는 항체 (V-Mab)에 컨쥬게이트된 변이체 IgSF 도메인 (vIgD)의 예시적인 다양한 배열을 나타낸 도면이다. 도 6A는 vIgD가 항체의 경쇄의 N-및/또는 C-말단에 직접 또는 간접적으로 연결되어 있는 다양한 배치를 나타낸다. 도 6B는 vIgD가 항체의 중쇄의 N-및/또는 C-말단에 직접 또는 간접적으로 연결되어 있는 다양한 배치를 나타낸다. 도 6C는 도 6A의 경쇄 및 도 6B의 중쇄가 세포에서 공동-발현되는 경우의 결과적인 V-Mab의 배열을 나타낸 도면이다.

[69] 도 7A는 표지되지 않은 재조합 인간 PD-L1-his, 인간 CTLA-4-his 또는 인간-PD-L2-Fc 융합 단백질의 존재 하에 변이체 CD80 A91G ECD-Fc 융합 분자에 대한 바이오티닐화된 재조합 CD28 Fc 융합 단백질 (rCD28.Fc)의 결합에 있어서의 경쟁적 결합 분석 결과를 나타낸 도면이다.

[70] 도 7B는 표지되지 않은 재조합 인간 rCD28.Fc, 인간 CTLA-4.Fc 또는 인간 PD-L2.Fc의 존재 하에 고정된 변이체 CD80 A91G ECD-Fc 융합 분자에 대한 바이오티닐화된 재조합 인간 PD-L1-his 모노머 단백질의 결합에 대한 경쟁 결합 분석 결과를 나타낸 도면이다.

[71] 도 8은 표적 항원-발현 세포와 공동-배양 후, 항-CD19 키메라 항원 수용체 (CAR) 단독 또는 예시적인 막관통 면역조절 TIP (CD80-TIP 또는 ICOSL-TIP) 또는 상응하는 CD80 또는 ICOSL 야생형 막관통 단백질에 의해 조작된 세포의 세포독성 사멸 활성을 반영하는 임피던스 결과를 나타낸 도면이다. 임피던스는 AceaReal-Time Cell Analyzer (RTCA)를 사용하여 평가되었으며, 96-웰 마이크로전자 플레이트(E-plate)의 배지에서 임피던스 변화를 측정한다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0070] 상세한 설명

[72] 본원에 따라 적어도 하나의 표적 리간드 동족 결합 파트너(카운터-구조물 리간드 단백질이라고도 칭함)에 대해 변경된 결합 활성 또는 친화성을 나타내는 CD80의 변이체 또는 돌연변이체 및 그의 특이적 결합 단편인 또는 이들을 포함하는 면역조절 단백질이 제공된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드에 비해 하나 이상의 아미노산 변형(예컨대 아미노산 치환, 결실 또는 부가)을 함유한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드에 비해 하나 이상의 아미노산 변형(예컨대 아미노산 치환)을 함유한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형(예컨대 아미노산 치환)은 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드의 IgSF 도메인(예컨대 IgV)에서 일어난다. 일부 구체예에서, 변경된 결합 활성 또는 친화성, 예컨대 증가 또는 감소된 활성 또는 친화성은, 동족 결합 파트너 단백질인 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 적어도 하나에 대한 것이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 변형을 함유하지 않는 비변형 또는 야생형 CD80에 비해, CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 하나 이상에 대해

변경된, 예컨대 증가 또는 감소된 결합 활성 또는 친화성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 가용성이다. 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 세포 표면에서 발현될 수 있는 막관통 면역조절 단백질이다. 일부 구체예에서, 본원에 따라 본원에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 하나 이상의 다른 모이어티 또는 폴리펩타이드를 함유하는 컨주게이트 또는 융합체인 하나 이상의 다른 면역조절 단백질도 제공된다.

[0072] [73] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 변형을 포함하지 않는 비변형 또는 야생형 CD80에 비해, CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 하나 이상에 대해 증가된 결합 친화성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 변형을 포함하지 않는 비변형 또는 야생형 CD80에 비해, CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 하나 이상에 대해 감소된 결합 친화성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 변형을 포함하지 않는 비변형 또는 야생형 CD80에 비해, CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 하나 이상에 대해 증가된 결합 친화성과, CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 또 다른 하나 이상에 대해 감소된 결합 친화성을 나타낸다.

[0073] [74] 일부 구체예에서, 본 발명에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 하나 이상의 다른 모이어티 또는 폴리펩타이드를 함유하는 컨주게이트 또는 융합체인 하나 이상의 다른 면역조절 단백질도 제공된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 면역조절 단백질은 면역학적 면역 반응을 조절, 예컨대 면역 반응을 증가 또는 감소시킨다. 일부 구체예에서, 본원에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 면역조절 단백질은 조절 능력이 상실된(dysregulated) 면역 반응과 관련된 질병 또는 병태의 치료에 이용될 수 있다.

[0074] [75] 일부 구체예에서, 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드는 공동자극 시그널링 분자들과의 상호작용을 통해 T 세포 활성화를 조절한다. 일반적으로, 항원 특이적 T-세포 활성화는 대체로 2 가지 구별되는 시그널을 필요로 한다. 제1 시그널은 항원 제시 세포 (APC) 상에 존재하는 주요 조직적합 복합체(MHC) 관련 항원과 T-세포 수용체 (TCR)와의 상호작용에 의해 제공된다. 제2 시그널은 TCR 개입에 대해 공동자극성이고 T-세포 아포토시스 또는 아네르기 (anergy)를 피하는데 필요하다.

[0075] [76] 일부 구체예에서, 정상적인 생리 조건 하에서, T 세포-매개된 면역 반응은 T 세포 수용체 (TCR)에 의한 항원 인식에 의해 개시되며 공동-자극과 억제 시그널 (예컨대, 면역 체크포인트 단백질)의 밸런스에 의해 조절된다. 면역계는 자가면역성(즉, 자가-관용성)을 방지하고 면역 반응 동안, 예를 들어 병원체 감염에 대한 공격 동안 조직을 과도한 손상으로부터 보호하기 위해 면역 체크포인트에 의존한다. 그러나 일부 경우에서, 이들 면역 조절 단백질은 면역계를 공격하는 메카니즘으로서, 종양을 비롯한 질병 및 병태에서 조절불능될 수 있다.

[0076] [77] 일부 구체예에서, T-세포 공동자극 수용체로서, 리간드 B7-1 (CD80) 및 B7-2 (CD86) (이들 두 가지 모두 APC 상에 존재함)에 대한 T-세포 공동자극 수용체인, CD28이 알려져 있다. 이들 동일한 리간드들은 또한 CD28에 대해서보다 더 큰 친화성으로 억제 T-세포 수용체 CTLA-4 (세포독성 T-림프구-관련 단백질 4)에 결합할 수도 있다; CTLA-4에 대한 결합은 면역 반응을 하향-조절하는 작용을 한다. 마찬가지로, CD80은 프로그램된 사멸 (death) 리간드 1 (PD-L1)에 결합할 수 있다. PD-L1은 또한 면역 활성화의 음성 조절자이기도 하고 프로그램된 사멸 1 (PD-1) 수용체와의 상호작용을 통해 면역 반응을 하향-조절할 수 있다. PD-L1에 대한 CD80의 결합은 PD-L1과 PD-1 간의 상호작용을 차단함으로써 해서 면역 반응을 증강시키거나 개선시킬 수 있다. 그러므로, 일부 사례에서, CD80의 CD28 및 PD-L1과의 상호작용은 중복 및 상보적인 효과를 낼 수 있다.

[0077] [78] 일부 구체예에서, CD28 및 PD-L1은 면역 반응을 조절하는데 있어서 상보적인 역할을 할 수 있다. 이들 수용체 활성의 증강 또는 억압은 염증성 및 자가면역 질환, 암, 및 바이러스 감염의 치료에 있어 임상적 의미를 갖는다. 그러나, 일부 경우에서, 이들 두 가지 수용체의 공동자극 효과에 개입 및 변경하는 치료법은 면역학적 시냅스의 경계에 의해 부과된 크기 제한뿐만 아니라 공간 배향 요구에 의해 제약을 받는다. 일부 측면에서, 항체 약물을 비롯한 기존 치료 약물은 이들 상호작용의 조절과 관련된 복수개의 표적 단백질과 동시에 상호작용하지 못할 수 있다. 또한, 일부 사례에서, 기존의 치료 약물은 면역 반응을 길항하는 능력만 있을 뿐 자극하는 능력은 없을 수 있다. 또한, 이들 두 수용체 중 하나 또는 다른 하나를 독자적으로 표적으로 하는 약물들 간의 약물동력학적 차이는 치료 과정 전반에 걸쳐 그러한 약물 조합의 원하는 혈액 농도를 적절히 유지하는데 어려움을 야기할 수 있다.

[0078] [79] 일부 구체예에서, 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 공동자극 수용체 CD28 또는 PD-L1, 일부 경우 CTLA-4와 연관되거나 또는 유도된 면역학적 활성을 조절(예컨대 증가 또는 감소)한다. 그러므로 일부 구체예에서, 제공된 폴리펩타이드는 제공된 CD28 및 PD-L1, 및 몇몇 경우 CTLA-4 모두에 독립적인 결합 친화성을 갖는 변이체 CD80을 제공함으로써 수용체에 의한 공동 자극의 상보적인 효과를 자극 또는 길항시킴으로써 이러한 제한을 극복한다. CD80의 이러한 변이체를 만들고 사용하는 방법도 제공된다.

- [0079] [80] 특허, 특허 출원, 과학기사 및 데이터베이스를 비롯한 본 명세서에 언급된 모든 간행물은 마치 이들 특허, 특허 출원, 과학기사 및 데이터베이스가 개별적으로 그리고 구체적으로 참조 병합되는 것으로 표시된 것처럼, 그 내용 전체가 본 발명에 참조 병합된다. 만일 본 명세서에 제시된 정의가 본 명세서에 참조 병합된 특허, 특허 출원, 공개된 출원 및 기타 간행물에 제시된 정의와 상반되거나 일치하지 않을 경우, 본 명세서 상의 자체 정의가 이들 참조 병합된 문헌의 정의에 우선한다.
- [0080] [81] 본 명세서에서 사용된 섹션 제목은 정리 목적을 위한 것일 뿐 설명된 주제를 한정하려는 의도로 제공된 것이 아니다.
- [0081] I. 정의
- [0082] [82] 달리 정의되지 않는 한, 본 명세서에서 사용된 모든 기술용어, 각주, 및 기타 기술 및 과학용어들은 본 발명이 속한 기술분야의 통상의 기술자에 의해 공통적으로 이해되는 것과 동일한 의미를 갖는 것으로 의도된다. 몇몇 경우, 그 의미가 널리 이해되는 용어들도 명확성 및/또는 용이한 참조를 위해 본 명세서에 정의하였고, 본 명세서에 이들 정의가 포함되었다 해서 기술 분야에서 일반적으로 이해되는 것과 실질적인 차이를 나타내는 것으로 추정되어서는 아니된다.
- [0083] [83] 본 명세서 전반에 걸쳐 사용되는 용어들은 특수한 경우 달리 언급되지 않는 한 하기 정의된 의미를 갖는다. 본 명세서 및 첨부된 청구범위에서, 단수 형태 "a," "an," 및 "the"는 문맥상 명백히 달리 지시하지 않는 한 복수 의미를 아울러 포함한다. 달리 정의하지 않는 한, 본 명세서에 언급된 모든 기술 및 과학 용어들, 두문자어 및 약어들은 본 발명이 속한 기술 분야의 통상의 기술자에 의해 흔히 이해되는 것과 동일한 의미를 갖는다. 달리 명시되지 않는 한, 화학 및 생화학명의 약칭 및 심볼은 IUPAC-IUB 명명법에 따른다. 달리 지시되지 않는 한, 모든 수치 범위는 범위를 한정하는 값들은 물론 그 사이의 정수 값들을 아울러 포함한다.
- [0084] [84] 번역글로불린 수퍼패밀리 도메인의 문맥상 사용된 "변형된 친화성(affinity modified)"이라는 용어는, 포유동물 번역글로불린 수퍼패밀리(IgSF) 도메인이 변경된 아미노산 서열(대응하는 야생형의 모(母) IgSF 도메인 또는 비변형 IgSF 도메인에 비해)을 가짐으로 해서, 모(母) IgSF 도메인 또는 비변형 (즉, 비-친화성 변형된) IgSF 대조군 도메인에 비해, 그의 동족 결합 파트너들(달리, "카운터-구조물들") 중 적어도 하나에 대해 증가 또는 감소된 결합 친화성 또는 결합능(avidity)을 갖는 것을 의미한다. 문맥 상, 친화성 변형된 CD80 IgSF 도메인도 포함된다. 일부 구체예에서, 친화성-변형된 IgSF 도메인은 야생형 또는 변형되지 않은 IgSF 도메인에서 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30개 또는 그 이상의 아미노산 차이, 예컨대 아미노산 치환을 함유할 수 있다. 결합 친화성 또는 결합능의 증가 또는 감소는 유세포 분석법과 같은 공지의 결합 분석법을 이용하여 알아낼 수 있다. Larsen 외, American Journal of Transplantation, Vol 5: 443-453 (2005). Linsley 외, Immunity, 1: 7930801 (1994) 참조. 어떤 단백질의 그의 동족 결합 파트너(들)에 대한 결합 친화성 또는 결합능의 증가는 야생형 IgSF 도메인 대조군의 값보다 적어도 10% 더 큰 값을 의미하며 일부 구체예에서, 야생형 IgSF 도메인 대조군 값에 비해 적어도 20%, 30%, 40%, 50%, 100%, 200%, 300%, 500%, 1000%, 5000%, 또는 10000% 더 큰 것을 의미한다. 어떤 단백질의 그의 동족 결합 파트너(들)에 대한 결합 친화성 또는 결합능의 감소는 대조군의 90% 이하 그러나 야생형 IgSF 도메인 대조군 값의 10% 이상의 값을 의미하고, 일부 구체예에서, 야생형 IgSF 도메인 대조군 값의 80% 이하, 70% 이하, 60% 이하, 50% 이하, 40% 이하, 30% 이하, 또는 20% 이하, 그러나 10% 이상의 값을 의미한다. 친화성 변형된 단백질은 아미노산 잔기의 치환, 부가 또는 결실에 의해 주요 아미노산 서열이 변경된 것이다. 용어 "친화성 변형된 IgSF 도메인"은 그 친화성 변형된 IgSF 도메인이 형성된 특정한 방법 또는 출발 조성물에 대해 어떠한 조건을 부과하는 것으로 상정되어서는 아니된다. 따라서, 본 발명의 친화성 변형된 IgSF 도메인들은 친화성 변형의 어떤 특정한 프로세스에 의해 친화성 변형된 IgSF 도메인으로 형질전환될 야생형 IgSF 도메인들로 한정되지 않는다. 친화성 변형된 IgSF 도메인 폴리펩타이드는, 예컨대, 야생형의 포유동물 IgSF 도메인 서열 정보로부터 출발하여 생성된 다음, 그의 동족 결합 파트너에 대한 결합에 관하여 가상적으로(in silico) 모델링된 다음 마지막으로, 친화성 변형된 IgSF 도메인 조성물의 생성을 위해 재조합적으로 또는 화학적으로 합성된다. 한 가지 별법 구체예에서, 친화성 변형된 IgSF 도메인은 야생형 IgSF 도메인의 위치-지향된(site-directed) 돌연변이에 의해 만들어질 수 있다. 따라서, 친화성 변형된 IgSF 도메인은 생성물을 가리키는 것이지, 반드시 주어진 프로세스에 의해 만들어진 생성물을 가리키는 것은 아니다. 재조합 방법, 화학적 합성법 또는 이들의 조합을 비롯한 다양한 기술을 이용할 수 있다.
- [0085] [85] 본 명세서에서 용어 "동종이계(allogeneic)"이라 함은 하나의 생물체에서 제거된 다음 동일한 종의 유전적으로 다른 생물체로 주입되거나 입양적으로 전달된 세포 또는 조직을 의미한다. 본 발명의 일부 구체예에서, 종

은 쥐 또는 인간이다.

[0086] 본 명세서에서 용어 "자가 (autologous)"는 나중에 주입되거나 입양적으로 전달된 동일한 생물체로부터 제거된 세포 또는 조직을 의미한다. 자가 세포 또는 조직은 예를 들어, 재조합 DNA 방법론에 의해 변형될 수 있어, 생물체로부터 제거된 천연 세포 또는 천연 조직과 유전적으로 동일하지 않게 된다. 예를 들어, 천연의 자가 T 세포는 재조합 DNA 기술에 의해 유전적으로 조작되어 막관통 면역조절 단백질 및/또는 키메라 항원 수용체 (CAR)를 발현하는 자가 조작된 세포가 될 수 있는데, 이것은 몇몇 경우 T-세포 또는 TIL(종양 침윤 림프구)을 조작하는 것을 포함한다. 조작된 세포는 이어서 천연 T-세포가 분리된 환자에게 주입될 수 있다. 일부 구체예에서, 생물체는 인간 또는 쥐이다.

[0087] 본 명세서에서 "결합 친화성(binding affinity)," 및 "결합능(binding avidity)"이라는 용어는 특수한 결합 조건 하에서, 어떤 단백질의 그의 카운터-구조물에 대한 특이적인 결합 친화성 및 특이적인 결합능을 각각 의미한다. 생화학적 동력학에서 결합능이라 함은 CD80과 그의 카운터-구조물인 PD-L1, CD28, 및/또는 CTLA-4 사이와 같이 개별적인 비공유 결합 상호 작용의 다중 친화력의 축적된 강도를 지칭한다. 따라서, 결합능은 단일 상호 작용의 강도를 나타내는 친화성과 구별된다. 친화성 변형된 CD80 IgSF 도메인을 함유하는 변이체 CD80의 그의 카운터-구조물에 대한 결합 친화성의 증가 또는 약화는 IgV 도메인과 같은 천연 또는 야생형 IgSF 도메인을 함유하는 비변형 CD80과 같은 비변형 CD80의 결합 친화성에 상대적으로 결정된다. 결합 친화성 또는 결합능을 결정하는 방법은 기술 분야에 알려져 있다. 예컨대, 문헌 [Larsen 외, American Journal of Transplantation, Vol 5: 443-453 (2005)] 참조. 일부 구체예에서, 예컨대 친화성 변형된 IgSF 도메인을 함유하는 변이체 CD80은 예컨대 실시예 6에 설명된 바와 같은 결합 분석에서 비변형 CD80 대조군에 비해 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 또는 100% 더 큰 평균 형광 강도(Mean Fluorescence Intensity: MFI) 값을 나타내는 결합 친화성을 갖는 것으로 유세포 분석법으로 측정되는 바와 같이 CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4에 특이적으로 결합한다.

[0088] "생물학적 반감기(biological half-life)"라는 용어는 본 발명의 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 면역 조절 폴리펩타이드와 같은 물질이 그의 약리학적 또는 생리학적 활성 또는 농도의 절반을 잃어버리는데 걸리는 시간을 가리킨다. 생물학적 반감기는 해당 물질의 제거, 배출, 분해(예컨대 효소 분해), 또는 신체 장기 또는 조직에서의 흡수 및 농축에 의해 영향받을 수 있다. 일부 구체예에서, 생물학적 반감기는 어떤 물질의 혈장 농도가 그의 정상 상태 수준의 절반에 도달하는데 걸리는 시간("혈장 반감기")을 측정함으로써 평가될 수 있다. 본 발명의 폴리펩타이드의 생물학적 반감기를 유도 및 증가시키는데 이용될 수 있는 컨쥬게이트는 기술분야에 공지이며 이의 비제한적인 예로는 폴리에틸렌 글리콜(PEG), 히드록시에틸 전분(HES), XTEN (연장된 재조합 펩타이드; W02013130683 참조), 인간 혈청 알부민(HSA), 소 혈청 알부민(BSA), 지질(아실화), 및 폴리-Pro-Ala-Ser (PAS), 폴리글루탐산(글루타미드)을 들 수 있다.

[0089] 본 명세서에서 용어 "키메라 항원 수용체" 또는 "CAR"은 적어도 엑토도메인, 막관통, 및 엔도도메인을 포함하는 포유동물 세포 상에서 발현된 인공적인(즉, 사람이 만든) 막관통 단백질을 가리킨다. 선택적으로, CAR 단백질은 엑토도메인을 막관통 도메인에 공유적으로 링크시키는 "스페이서"를 포함한다. 스페이서는 종종 펩타이드 결합을 통해 엑토도메인을 막관통 도메인에 링크하는 폴리펩타이드이다. CAR은 일반적으로 포유동물 림프구 상에서 발현된다. 일부 구체예에서, CAR은 T-세포 또는 종양 침윤 림프구 (TIL)와 같은 포유동물 세포 상에서 발현된다. T-세포 상에서 발현된 CAR은 본 명세서에서 CAR T-세포 또는 "CAR-T"라 칭한다. 일부 구체예에서, CAR-T는 T 헬퍼 세포, 세포독성 T-세포, 내츨러 킬러 T-세포, 메모리 T-세포, 조절 T-세포, 또는 감마 델타 T-세포이다. 예컨대 입양 세포 전달 등에서 임상적으로 사용될 경우, 환자의 종양에 대한 항원 결합 특이성이 있는 CAR-T는 일반적으로 그 환자로부터 수득된 천연 T-세포 상에서 발현되도록 조작된다. 그 다음 CAR을 발현하는 조작된 T-세포는 환자에게 다시 주입된다. 따라서 비록 동종이계 CAR-T가 본 발명의 범위 내에 포함되지만 CAR-T는 종종 자가 CAR-T이다. CAR의 엑토도메인은 생리학적 조건하에 종양 특이 항원과 같은 표적 항원과 특이적으로 결합하는 항체 또는 그의 항원 결합 단편 (예컨대 scFv)과 같은 항원 결합 영역을 포함한다. 특이적 결합시, 생화학적 연쇄 사건(즉, 시그널 형질도입: 시그널 transduction)은 CAR-T의 면역학적 활성의 조절을 초래한다. 따라서, 예를 들어, CAR-T의 항원 결합 영역에 의한 그의 표적 항원에 대한 특이적 결합시 세포 독성, 증식 또는 사이토카인 생성의 변화에 의해 반영되는 T-세포 활성의 면역학적 활성의 변화가 야기될 수 있다. CAR-T 활성화시 시그널 형질도입은 일부 구체예에서 천연 포유동물 T-세포에서 시그널 형질도입에 관여하는 CD3-제타 사슬 ("CD3-z")에 의해 달성된다. CAR-T는 T-세포의 면역조절 반응을 추가로 조절하기 위해, CD28, 41BB 또는 OX40과 같은 복수개의 시그널링 도메인들을 추가로 포함할 수 있다. CD3-z는 T-세포 수용체 시그널 형질도입에 관여하는 면역수용체 티로신-기반 활성화 모티프(ITAM)로서 알려진 보존적 모티프를 포함한다.

- [0090] [90] 시험관내 분석시 2 이상의 변이체 CD80 폴리펩타이드의 존재 하에 유도되는 사이토카인 생산과 관련하여 사용될 경우 "집합적으로" 또는 "집합적"이라는 용어는, 개별적인 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 유도되는 사이토카인 생산과 무관하게 전체적인 사이토카인 발현 수준을 의미한다. 일부 구체예에서, 분석되는 사이토카인은 실시예 7에 설명된 바와 같은 시험관내 일차 T-세포 분석에서 IFN-감마이다.
- [0091] [91] 변이체 CD80의 IgSF 도메인 관련에서와 같이, 폴리펩타이드와 관련된 "동족 결합 파트너" ("카운터-구조물")이라는 용어는 특정 결합 조건 하에서 문제의 폴리펩타이드가 특이적으로 결합하는 적어도 하나의 분자(일반적으로 천연 포유동물 단백질)를 가리킨다. 일부 측면에서, 친화성 변형된 IgSF 도메인을 함유하는 변이체 CD80은 증가 또는 약화된 친화성으로 대응하는 천연 또는 야생형 CD80의 카운터-구조물에 특이적으로 결합한다. 특이적 결합 조건 하에서 그의 동족 수용체를 인식하여 특이적으로 결합하는 리간드 중은 그 수용체의 카운터-구조물 또는 동족 결합 파트너의 일레이다. "동족 세포 표면 결합 파트너"는 포유동물 세포 표면에서 발현된 동족 결합 파트너이다. "세포 표면 분자중"은 면역학적 시냅스를 형성하는 포유동물 세포 등의 세포에 의해 그리고 세포 상에 발현되는 면역학적 시냅스(IS)의 리간드의 동족 결합 파트너이다.
- [0092] [92] 본 명세서에서 "컨쥬게이트", "컨쥬게이션" 또는 이의 문법적 파생어는 2 이상의 화합물들이 기술분야에 알려진 임의의 결합 또는 연결 방법에 의해 한데 결합 또는 연결되어 다른 화합물이 형성되는 것을 가리킨다. 이것은 2 이상의 화합물의 결합 또는 연결에 의해 생성되는 화합물을 가리키는 것일 수도 있다. 예를 들어, 1 이상의 화학적 모이어티 또는 폴리펩타이드에 직접 또는 간접적으로 연결된 변이체 CD80 폴리펩타이드는 예시적인 컨쥬게이트이다. 이러한 컨쥬게이트들에는 융합 단백질, 화학적 컨쥬게이트에 의해 생성된 것들 및 다른 방법에 의해 생성된 것들이 포함된다.
- [0093] [93] 본 명세서에서 "경쟁적 결합(competitive binding)"이라는 용어는 어떤 단백질이 적어도 2개의 동족 결합 파트너들과 특이적으로 결합할 수 있으나 하나의 동족 결합 파트너의 그 특이적인 결합이 제2 동족 결합 파트너의 동시적인 결합을 방지 또는 배제하는 것과 같이 저해하는 것을 의미한다. 그러므로, 몇몇 경우에서, 단백질이 2개의 동족 결합 파트너에 동시에 결합할 수는 없다. 일반적으로, 경쟁적 바인더는 특이적인 결합에 대하여 동일하거나 중복적인 결합 부위를 함유하지만, 반드시 요구되는 것은 아니다. 일부 구체예에서, 경쟁적 결합은 제2 동족 결합 파트너의 특이적인 결합으로 인해, 그의 동족 결합 파트너 중 하나에 대한 단백질의 특이적 결합을 측정가능하게 억제한다(부분적 억제 또는 완전한 억제). ELISA(효소결합면역흡수 분석법)와 같이, 경쟁적 결합을 정량하는 다양한 방법이 알려져 있다.
- [0094] [94] 본 명세서에서 "보존적 아미노산 치환"이라는 용어는 어떤 아미노산 잔기가, 화학적 특성(예컨대 전하 또는 소수성)이 유사한 측쇄 R기를 갖는 다른 아미노산 잔기에 의해 치환되는 아미노산 치환을 의미한다. 화학적 특성이 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 그룹의 예로는: 1) 지방족 측쇄: 글리신, 알라닌, 발린, 류신 및 이소류신; 2) 지방족-히드록시 측쇄: 세린 및 트레오닌; 3) 아미드-함유 측쇄: 아스파라긴 및 글루타민; 4) 방향족 측쇄: 페닐알라닌, 티로신 및 트립토판; 5) 염기성 측쇄: 리신, 아르기닌 및 히스티딘; 6) 산성 측쇄: 아스파르트산 및 글루탐산; 및 7) 황 함유 측쇄: 시스테인 및 메티오닌을 들 수 있다. 보존적 아미노산 치환 그룹으로는 다음을 들 수 있다: 발린-류신-이소류신, 페닐알라닌-티로신, 리신-아르기닌, 알라닌-발린, 글루타메이트-아스파테이트 및 아스파라긴-글루타민.
- [0095] [95] 단백질 위치와 관련하여 "대응하는(corresponding to)"이라는 용어, 예컨대, 개시된 서열, 예컨대 서열 목록 내의 뉴클레오타이드 또는 아미노산 위치에 "대응하는" 뉴클레오타이드 또는 아미노산 위치라 함은 구조적인 서열 정렬 또는 GAP 알고리즘과 같은 표준 정렬 알고리즘에 기초하여, 개시된 서열과의 정렬에 의해 동정된 뉴클레오타이드 또는 아미노산 위치를 가리킨다. 예를 들어, 대응하는 잔기들은 레퍼런스 서열을 본 명세서에 설명된 구조 정렬 방법에 의해 SEQ ID NO:28 (ECD 도메인) 또는 SEQ ID NO:152 또는 372 (IgV 도메인)에 제시된 야생형 CD80의 서열과 정렬시킴으로써 결정될 수 있다. 서열들을 정렬함으로써, 통상의 기술자는 예컨대 보존된 그리고 동일한 아미노산 잔기들을 가이드로 사용하여, 대응하는 잔기들을 동정할 수 있다.
- [0096] [96] 본 명세서에서 "감소하다(decrease)" 또는 "약화되다/감쇠하다(attenuate)" 또는 "억제하다(suppress)" 등의 용어는 통계적으로 유의한 양으로 감소한다는 의미이다. 감소는 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 또는 100%일 수 있다.
- [0097] [97] "유도체" 또는 "유도되다"라는 용어는 단백질을 직접 또는 간접적으로 조성물에 공유적으로 연결시켜 변형시킴으로써 생물학적 반응성, 생체이용성, 면역원성, 가용성, 독성, 강도 또는 효능을 그의 치료학적 이점을 유지 또는 증강시키면서 변경시키는 것을 의미한다. 본 발명의 면역조절 폴리펩타이드의 유도체는 본 발명의 범위

에 속하며 예를 들어 글리코실화, 폐길화, 지질화 또는 Fc-융합체에 의해 만들어질 수 있다.

[0098] 본 명세서에서, 도메인 (일반적으로 3개 이상, 일반적으로 5개 또는 7개 또는 그 이상의 아미노산, 예컨대 10 내지 200개의 아미노산 잔기)은 단백질 또는 인코딩 핵산과 같은 어떤 분자의 다른 부분들과 구조적 및/또는 기능적으로 구별되는, 그 분자의 어떤 부분을 가리키는 것으로 동정가능한 부분을 의미한다. 예를 들어, 도메인들에는 하나 이상의 구조적 모티프로 만들어진 단백질 내에서 독립적으로 폴딩된 구조를 형성할 수 있는, 및/또는 결합 활성과 같은 기능적 활성에 의해 인식되는, 폴리펩타이드 사슬의 일부가 포함된다. 하나의 단백질은 하나 또는 복수개의 구별되는 도메인들을 가질 수 있다. 예를 들어, 주요(primary) 서열 상동성 또는 관련된 패밀리 멤버들에 대한 구조 상동성, 예컨대 모티프에 대한 상동성에 의해, 도메인을 동정, 정의 또는 구별할 수 있다. 또 다른 예에서, 도메인은 동족 결합 파트너와 같은, 바이오분자와 상호반응하는 능력과 같은, 그의 기능에 의해 구별될 수 있다. 도메인은 생물학적 기능 또는 활성을 독립적으로 나타낼 수 있으므로, 도메인은 독립적으로 또는 다른 분자에 융합되어 예컨대 결합과 같은 활동을 수행할 수 있다. 도메인은 아미노산의 선형 서열이거나 또는 아미노산의 비-선형 서열일 수 있다. 많은 폴리펩타이드들이 도메인을 복수개 함유한다. 이러한 도메인들은 공지이고, 통상의 기술자에 의해 동정될 수 있다. 예시를 위해, 도메인에 대한 정의가 제시되었지만, 통상의 기술자들에게는 특정 명칭의 도메인들이 잘 인식되어 있다. 필요한 경우, 적절한 소프트웨어를 이용하여 도메인들을 동정할 수 있다.

[0099] 본 명세서에서 "엑토도메인(ectodomain)"이라는 용어는 소포성 막(vesicular membrane)의 외부에 위치한, 막통과 단백질과 같은 막 단백질 영역을 가리키는 것이다. 엑토도메인들은 예를 들어 리간드 또는 세포 표면 수용체에 특이적으로 결합하는 결합 도메인을 통해, 리간드 또는 세포 표면 수용체에 특이적으로 결합하는 결합 도메인을 종종 포함한다. 세포의 막통과 단백질의 엑토도메인은 달리 세포의 도메인이라고도 칭해진다.

[0100] 용어 "유효량" 또는 "치료적 유효량"이라 함은 단백질 조성물 또는 세포 조성물과 같은 본 발명의 치료용 조성물이 단독으로 (즉, 단독요법) 또는 부가적인 치료제와 조합적으로, 생체외(ex vivo) 투여되거나 (환자로부터의 세포와의 접촉에 의해) 또는 생체내 투여될 경우(환자 체내로의 투여에 의해), 예컨대 질병의 증상 및/또는 원인을 완화 또는 제거함으로써, 질병 진행을 통계적으로 유의하게 저감시키는 치료 조성물의 양 및/또는 농도를 의미한다. 유효량은 그 질환 또는 장애와 연관된 생물학적 반응 또는 효과 또는 적어도 하나의 증상을 감소, 경감 또는 완화시키거나, 또는 환자의 신체 기능을 향상시키는 양이다. 세포 치료법 사례에서, 유효량은 입양세포 치료에 의해 환자에게 투여된 세포의 유효한 투여량 또는 개수이다. 일부 구체예에서 환자는 비인간 영장류 또는 인간 환자와 같은 포유동물이다.

[0101] 본 명세서에서 용어 "엔도도메인(endodomain)"은 세포 표면막에 의해 정의된 내부 공간으로 연장되는, 막관통 단백질과 같은 일부 막 단백질에서 발견되는 영역을 가리킨다. 포유동물 세포에서, 엔도도메인은 막 단백질의 세포질 영역이다. 세포에서, 엔도도메인은 세포내 구성성분들과 상호반응하여 시그널 형질도입에서 일정 역할을 할 수 있고, 그에 따라 몇몇 경우 세포내 시그널링 도메인일 수 있다. 세포성 막관통 단백질의 엔도도메인은 달리 세포질 도메인이라고도 칭해지며, 몇몇 경우, 세포질 시그널링 도메인일 수도 있다.

[0102] 본 명세서에서 포유동물 림프구의 면역학적 활성을 증가시킨다는 맥락상 용어 "증강된(enhanced)" 또는 "증가된(increased)"은 문맥상, 림프구의 하나 이상의 활성을 증가시킨다는 것을 의미한다. 증강된 활성은 예컨대 통계적 유의량만큼 세포 생존능, 세포 증식, 사이토카인 생산량 또는 T-세포 세포독성 중 하나 이상일 수 있다. 일부 구체예에서, 증강된 면역학적 활성에 대한 레퍼런스는 예컨대, 통계적으로 유의한 양으로, 인터페론 감마(IFN-감마) 생산이 증가되는 것을 의미한다. 일부 구체예에서, 면역학적 활성은 림프구 혼합 배양반응(MLR) 분석법에 의해 평가될 수 있다. MLR 분석법의 실시 방법은 기술분야에 공지이다. Wang 외, Cancer Immunol Res. 2014 Sep; 2(9):846-56. 림프구의 활성을 평가하는 그 밖의 방법은 본 명세서에 설명된 임의의 분석법을 비롯하여 기술분야에 알려져 있다. 몇몇 구체예에서, 증강은 비-제로 대조군 값보다 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 75%, 100%, 200%, 300%, 400%, 또는 500% 더 큰 증가일 수 있다.

[0103] 본 명세서에서 용어 "조작된 세포(engineered cell)"라 함은 재조합 DNA 방법 또는 바이러스 형질도입에 의한 것과 같은 인간 개체에 의해 유전적으로 변형된 포유동물 세포를 가리킨다. 일부 구체예에서, 세포는 면역 세포, 예컨대 림프구 (예컨대 T 세포, B 세포, NK 세포) 또는 항원 제시 세포 (예컨대 수지상 세포)를 가리킨다. 세포는 환자로부터의 일차 세포(primary cell)일 수도 있고 세포주일 수도 있다. 일부 구체예에서, 본 발명의 조작된 세포는 변이체 CD80 폴리펩타이드가 그에 특이적으로 결합하는, CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4을 발현하는 T-세포, 또는 PD-L1을 발현하는 APC의 면역학적 활성을 조절하도록 조작된 본 발명의 변이체 CD80을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 80은 세포의 도메인을 함유하는 막관통 면역조절 단백질 (이하 "TIP"라

칭함) 또는 막관통 도메인 (예컨대 CD80 막관통 도메인)에 연결된 IgV 도메인, 및 선택적으로 세포내 시그널링 도메인을 함유하는 그의 일부분이다. 일부 경우에서, TIP는 이중 세포질 시그널링 도메인 또는 엔도도메인을 함유하는 키메라 수용체로서 포맷된다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 본 발명에 설명된 바와 같은 면역조절 단백질 발현 및 분비할 수 있다. 제공된 조작된 세포들 중에는 조작된 T-세포 수용체 (TCR) 또는 키메라 항원 수용체 (CAR)를 더 함유하는 세포도 포함된다.

[0104] [104] 본 명세서에서 "조작된 T-세포"라 함은 재조합 DNA 방법 또는 바이러스 형질도입 방법 등 인간의 개입에 의해 유전학적으로 변형된, T 헬퍼 세포, 세포독성 T-세포 (또는, 세포독성 T 림프구 또는 CTL), 내추럴 킬러 T-세포, 조절 T-세포, 메모리 T-세포, 또는 감마 델타 T-세포와 같은 T-세포를 가리킨다. 조작된 T-세포는 T-세포 상에서 발현되어 조작된 T-세포 자신, 또는 T-세포 상에서 발현된 변이체 CD 80이 특이적으로 결합하는 포유동물 세포의 면역학적 활성을 조절하도록 조작되는 본 발명의 변이체 CD80 막관통 면역조절 단백질 (TIP)를 포함한다.

[0105] [105] 용어 "조작된 T-세포 수용체" 또는 "조작된 TCR"이라 함은 입양 면역치료법에서 종종 사용되는, T-세포 집단 내로 선택, 클로닝 및/또는 후속적으로 도입되는 주요조직적합 복합체 (MHC)/펩타이드 표적 항원에 대해 원하는 친화성으로 특이적으로 결합하도록 조작된 T-세포 수용체 (TCR)를 가리킨다. 조작된 TCR과 대조적으로, CAR은 MHC 비의존 방식으로 표적 항원에 결합하도록 조작된다.

[0106] [106] 본 발명에서 용어 "발현되다(expressed on)"라 함은 포유동물 세포와 같은 세포 표면에서 발현되는 단백질과 관련하여 사용된다. 그러므로, 단백질은 막 단백질로서 발현된다. 일부 구체예에서, 발현된 단백질은 막관통 단백질이다. 일부 구체예에서, 단백질은 약물 또는 검출가능한 표지 등의 소형 분자 모이어티에 컨쥬게이트된다. 세포 표면에서 발현된 단백질에는 세포-표면 단백질 예컨대 포유동물 세포에서 발현되는 세포 표면 수용체가 포함된다.

[0107] [107] 용어 "반감기 연장 모이어티"라 함은 그 모이어티에 컨쥬게이트되지 않은 단백질의 반감기에 비해, 포유동물 혈청에서 순환하는 단백질의 반감기를 연장시키는 폴리펩타이드 융합 또는 화학적 컨쥬게이트의 모이어티를 가리킨다. 일부 구체예에서, 반감기는 1.2배, 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5.0배, 또는 6.0배 이상, 또는 약 1.2배, 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5.0배, 또는 6.0배 이상 연장된다. 일부 구체예에서, 반감기는 반감기 연장 모이어티가 없는 단백질에 비해 생체내 투여 후 6시간 이상, 12시간 이상, 24시간 이상, 48시간 이상, 72시간 이상, 96시간 이상 또는 1주일 이상 연장된다. 반감기는 단백질이 그의 농도, 양 또는 활성의 절반을 상실하는데 걸리는 시간을 가리킨다. 반감기는 예를 들어, ELISA 분석 또는 활성 분석을 이용함으로써 구할 수 있다. 예시적인 반감기 연장 모이어티에는 Fc 도메인, 멀티머화 도메인, 폴리에틸렌 글리콜 (PEG), 히드록시에틸 전분 (HES), XTEN (연장된 재조합 펩타이드; WO2013130683 참조), 인간 혈청 알부민 (HSA), 소혈청 알부민 (BSA), 지질 (아실화), 및 폴리-Pro-Ala-Ser (PAS), 및 폴리글루탐산 (글루타미드)가 포함된다.

[0108] [108] 본 명세서에서 "면역학적 시냅스(immunological synapse)" 또는 "면역 시냅스(immune synapse)"라는 용어는 항원-제시 세포 또는 종양세포와 같이 MHC I (주조직적합 복합체) 또는 MHC II를 발현하는 포유동물 세포와 이펙터 T 세포 또는 내추럴 킬러(NK) 세포와 같은 포유동물 림프구 간의 인터페이스를 의미한다.

[0109] [109] 면역글로불린 분자의 Fc (결정화가능한 단편: fragment crystallizable) 영역 또는 도메인 (Fc 폴리펩타이드라고도 칭함)은 대체로 면역글로불린 중쇄의 불변 영역에 대응하고, 항체의 이펙터 기능(들)을 비롯한, 다양한 기능에 책임이 있다. Fc 도메인은 CH2 및 CH3 도메인 플러스 면역글로불린 분자의 힌지 도메인의 일부 또는 전부를 함유한다. Fc 도메인은 하나 이상의 다이설파이드 결합에 의해 결합된 2개의 폴리펩타이드 사슬의 다이머를 형성할 수 있다. 일부 구체예에서, Fc는 이펙터 기능을 용이하게 하기 위해 감소된(예컨대 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 이상 감소된) 활성을 나타내는 변이체 Fc이다. 일부 구체예에서, Fc 영역에서의 아미노산 치환은 특정한 SEQ ID NO.를 참조로 설명되지 않는 한 EU 넘버링 시스템에 따른다. EU 넘버링은 공지이며 가장 최근에 업데이트된 IMGT Scientific Chart (IMGT®, the international ImmunoGeneTics information system®, http://www.imgt.org/IMGTScientificChart/Numbering/Hu_IGHGnber.html (생성일: 2001년 5월 17일, 마지막 업데이트일: 2013년 6월 10일) 및 Kabat, E.A. 등에서 보고된 바와 같은 EU 인덱스에 따른다 [Sequences of Proteins of Immunological interest. 제5판, US Department of Health and Human Services, NIH publication No. 91-3242 (1991)].

[0110] [110] 면역조절 Fc 융합 단백질과 같은 면역글로불린 Fc 융합체 ("Fc-융합체")는, 면역글로불린의 Fc 영역에 작동적으로 연결된 하나 이상의 폴리펩타이드(또는 하나 이상의 소분자)를 포함하는 분자이다. Fc-융합체는, 예를 들어, 항체의 Fc 영역 (약물동력학을 용이하게 함) 및 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함할 수 있다. 면역글로불

린 Fc 영역은 하나 이상의 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 소분자 (융합 파트너)에 직접 또는 간접적으로 연결될 수 있다. 다양한 링커들이 기술분야에 알려져있으며 Fc-융합체를 생성하도록, 융합 파트너에 Fc를 연결하는데 이용될 수 있다. 동일 종의 Fc-융합체들은 다imer화(이량화)되어 Fc-융합체 호모다imer를 형성하거나, 또는 비-동일 종을 이용함으로써, Fc-융합체 헤테로다imer를 형성할 수도 있다. 일부 구체예에서, Fc는 쥐 또는 인간 Fc와 같은 포유동물 Fc이다.

[0111] 용어 "숙주 세포"는 재조합 발현 벡터에 의해 인코딩된 단백질을 발현하는데 사용될 수 있는 세포를 가리킨다. 숙주 세포는 예컨대 대장균과 같은 원핵생물일 수 있고 또는 진핵생물, 예컨대 단세포 진핵생물(예컨대 효모 또는 기타 진균류), 식물 세포 (예컨대, 담배 또는 토마토 식물 세포), 동물 세포 (예컨대, 인간 세포, 원숭이 세포, 햄스터 세포, 래트 세포, 마우스 세포, 또는 곤충 세포) 또는 하이브리도마일 수도 있다. 숙주 세포의 예로는 차이나이즈 햄스터 난소 (CHO) 세포 또는 이의 유도체 예컨대 Veggie CHO 및 무혈청 배지에서 성장하는 관련 세포주 또는 DHFR 결핍된 CHO 균주 DX-B11을 들 수 있다. 일부 구체예에서, 숙주 세포는 포유동물 세포 (예컨대, 인간 세포, 원숭이 세포, 햄스터 세포, 래트 세포, 마우스 세포, 또는 곤충 세포)일 수 있다.

[0112] 본 명세서에서 용어 "면역글로불린" ("Ig"라 약칭됨)은 5가지 임의의 인간 항체 클래스, 즉: IgA (서브클래스 IgA1 및 IgA2를 포함한다), IgD, IgE, IgG (서브클래스 IgG1, IgG2, IgG3, 및 IgG4를 포함한다), 및 IgM를 비롯한 포유동물 면역글로불린 단백질을 가리키는 것이다. 이 용어는 또한 항원 결합 단편 (Fab), 가변 단편 (Fv)을 함유하는 V_H 및 V_L , 한 사슬 내에 한데 연결된 단일 사슬 가변 단편 (scFv)을 함유하는 V_H 및 V_L , 및 그 밖의 항체 V 영역 단편, 예컨대 Fab', F(ab)₂, F(ab')₂, dsFv 다이아바디, Fc, 및 Fd 폴리펩타이드 단편 등, 전적으로 또는 부분적으로 합성적이거나(예컨대, 재조합 또는 화학 합성) 또는 자연적으로 생산된, 전장 길이 미만의 면역글로불린도 포함한다. 호모이종특이 항체 및 헤테로이종특이 항체와 같은 이종특이 상체도 이 용어에 포함된다.

[0113] 본 명세서에서 용어 "면역글로불린 슈퍼패밀리" 또는 "IgSF"는 세포의 인식, 결합 또는 부착 프로세스에 관여하는 일군의 세포 표면 및 가용성 단백질을 의미한다. 분자들은 면역글로불린들(즉 항체들)과 공유된 구조적 속성에 기반하여 이 슈퍼패밀리의 멤버로서 분류된다; 이들 모두는 면역글로불린 도메인 또는 폴드라 알려진 도메인을 갖는다. IgSF의 멤버들에는 면역계의 세포 표면 항원 수용체들, 공동-수용체들 및 공동-자극 분자들, 림프구에 대한 항원 제시와 관련된 분자, 세포 부착 분자, 특정한 사이토카인 수용체들 및 세포내 근육 단백질들이 포함된다. 이들은 면역계 내에서의 역할에 공통적으로 연관되어 있다. 면역학적 시냅스 내의 단백질들은 종종 IgSF의 멤버이다. IgSF는 기능과 같은 공유 속성에 따라 "서브패밀리"로 세분될 수 있다. 이러한 서브패밀리들은 대개 4 내지 30개의 IgSF 멤버들로 이루어진다.

[0114] 본 명세서에서 "IgSF 도메인" 또는 "면역글로불린 도메인" 또는 "Ig 도메인"이라는 용어는 IgSF 단백질들의 구조 도메인을 가리킨다. Ig 도메인들은 면역글로불린 분자들의 이름을 따서 명명된다. 이들은 약 70-110개의 아미노산을 함유하며 이들의 크기와 기능에 따라 분류된다. Ig-도메인들은 역평행 베타 스트랜드들 2개 시트에 의해 형성되는 샌드위치-유사 구조를 갖는 특징적인 Ig-폴드를 갖는다. 샌드위치의 내측의 소수성 아미노산들과 B 스트랜드와 F 스트랜드의 시스테인 잔기들 간에 형성된 고도로 보존된 디설파이드 결합 간의 상호반응은, Ig-폴드를 안정화시킨다. Ig 도메인의 한쪽 말단은 이들의 리간드들에 대한 항체 특이성에 중요한 보체 결정 영역이라 칭해지는 섹션을 갖는다. Ig 유사 도메인들은: IgV, IgC1, IgC2, 또는 IgI로 분류될 수 있다. 대부분의 Ig 도메인들은 가변성(IgV)이거나 불변성(IgC)이다. 9개의 베타 스트랜드를 갖는 IgV 도메인들은 7개의 베�타 스트랜드를 갖는 IgC 도메인들 보다 일반적으로 더 길다. IgSF의 몇몇 멤버들의 Ig 도메인들은 아미노산 서열 내 IgV 도메인들과 유사하면서도, 그 크기는 IgC 도메인들과 유사하다. 이들은 IgC2 도메인들이라 칭해지며, 표준 IgC 도메인들은 IgC1 도메인이라 칭해진다. T-세포 수용체 (TCR: T-cell receptor) 사슬은 세포의 부분에 2개의 Ig 도메인을 갖는데 구체적으로: 하나의 IgV 도메인은 N-말단에, 하나의 IgC1 도메인은 세포막 근처에 위치한다. CD80은 두 개의 Ig 도메인, 즉: IgV 및 IgC를 포함한다.

[0115] 본 명세서에서 "IgSF 종"이라는 용어는 동일 또는 실제로 동일한 주요 아미노산 서열을 갖는 IgSF 멤버 단백질들의 앙상블을 의미한다. 각각의 포유동물 면역글로불린 슈퍼패밀리 (IgSF) 멤버는 그 IgSF 멤버에 속하는 모든 IgSF 종들의 독특한 아이덴티티를 정의한다. 그러므로, 각각의 IgSF 패밀리 멤버는 다른 IgSF 패밀리 멤버들과는 구별되며, 그에 따라, 특정한 IgSF 패밀리 멤버의 각각의 종들은 다른 IgSF 패밀리 멤버의 종들과 구별된다. 그럼에도 불구하고, 글리코실화, 인산화, 유비퀴틴화, 니트로실화, 메틸화, 아세틸화 및 지질화와 같은 번역후 변형의 차이로 인하여, 동일한 IgSF 종들의 분자들 간에도 다양성이 존재할 수 있다. 이에 더해, 유전자 다형성에 기인하는 단일 IgSF 종들 내의 마이너한 서열 차이로 인해, 예컨대 단백질 가수분해 절단에 기인

하는 IgSF 종들의 야생형 트렁케이트 형태가 그러하듯 단일 IgSF 종들 내에서도 또 다른 다양성 형태가 일어난다. "세포 표면 IgSF 종들"은 세포, 일반적으로 포유동물 세포 표면에서 발현되는 IgSF 종들이다.

[0116] 본 명세서에서 T-세포와 같은 포유동물 림프구 관점에서 "면역학적 활성화"이라는 용어가 사용될 경우 이는 하나 이상의 세포 생존, 세포 증식, 사이토카인 생산 (예컨대 인터페론-감마), 또는 T-세포 세포독성 활성을 가리킨다. 일부 경우에서, 면역학적 활성화는 케모카인 또는 인터류킨과 같은 사이토카인의 그의 발현을 의미할 수 있다. 면역학적 활성화의 증강 또는 억제를 알아내기 위한 분석법에는 배양 상등액에서 인터페론-감마 사이토카인 수준을 측정하는 MLR (림프구 혼합 배양반응) 분석법 (Wang 외, Cancer Immunol Res. 2014 Sep; 2(9):846-56), SEB (스타필로코커스 내독소 B) T 세포 자극 분석법 (Wang 외, Cancer Immunol Res. 2014 Sep; 2(9):846-56), 및 항-CD3 T 세포 자극 분석법 (Li 및 Kurlander, J Transl Med. 2010; 8: 104)이 포함된다. T 세포 활성화는 IFN-감마 사이토카인의 분비와 연관되어 있으므로, 이들 시험관내 인간 T 세포 분석에 의해 배양 상등액 내 IFN-감마 수준을 측정하는 것은 시판되는 ELISA 키트를 이용하여 분석될 수 있다 (Wu et al, Immunol Lett 2008 Apr 15; 117(1): 57-62). 면역 반응의 유도는 정지(quiescent) 림프구에 비해 면역학적 활성화의 증가를 야기한다. 본 발명에 제시된 바와 같은, 친화성 변형된 IgSF 도메인을 함유하는 변이체 CD80 폴리펩타이드 등의 면역조절 단백질은 야생형 IgSF 멤버 또는 IgSF 도메인 대조군에 대한 주요 T-세포 분석에 있어 어떤 구체예에서는 IFN-감마 (인터페론-감마)의 발현을 증가시키고, 다른 구체예에서는 그 발현을 감소시킬 수 있다. 통상의 기술자라면 IFN-감마 발현의 증가를 알아내는데 사용되는 주요 T-세포 분석법이 IFN-감마 발현의 감소를 알아내기 위한 분석법에 사용되는 것과 다르다는 것을 인식할 것이다. 본 발명의 면역조절 단백질 또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의, 주요 T-세포 분석법에서 IFN-감마 발현을 감소시키는 능력을 분석하는데 있어서, 실시예 6에 설명된 바와 같이, 림프구 혼합 배양반응(MLR) 분석법을 이용하라 수 있다. 간편하게, 본 발명의 친화성 변형된 IgSF 도메인의 가용성 형태를 사용하여 실시예 6에 설명된 바와 같이, MLR에서 IFN-감마 발현을 길항하여 그에 따라 감소시키는 그의 능력을 알아낼 수 있다. 별법으로, 본 발명의 면역조절 단백질 또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의, 주요 T-세포 분석법에서의 IFN-감마 발현을 증가시키는 능력을 분석함에 있어서, 공동-고정화(co-immobilization) 분석법을 이용하라 수 있다. 공동-고정화 분석법에서는, 일부 구체예에서 항-CD3 항체에 의해 제공되는 T-세포 수용체 시그널을 공동-고정화된 친화성 변형된 IgSF 도메인, 예컨대 변이체 CD80과 연계 사용하여, 야생형 IgSF 도메인 대조군에 비해 IFN-감마 발현을 증가시키는 능력을 탐지한다. 변이체 CD80 막관통 면역조절 단백질의 활성을 평가하는 것을 포함하여, 조작된 세포의 면역학적 활성화 분석법은 기술 분야에 알려져 있으며, 이의 예로는 항원 자극 후 T 세포 팽창 능력, 재-자극 부재시 T 세포 팽창 유지 능력, 및 적절한 동물 모델에서의 항암 활성 등을 들 수 있으나 이에 한정되지 않는다. 이러한 분석법에는 표준 ⁵¹Cr-방출 분석법(참조: 예컨대 Milone 외, (2009) Molecular Therapy 17: 1453-1464) 또는 흐름(flow) 기반 세포독성 분석법, 또는 임피던스 기반 세포독성 분석법 (Peper 외 (2014) Journal of Immunological Methods, 405:192-198)이 포함된다.

[0117] "면역조절 폴리펩타이드"는 면역학적 활성을 조절하는 폴리펩타이드이다. 면역 반응을 "조절" 또는 "조절하다"라 함은 면역학적 활성이 증가되거나 감소된다는 것이다. 면역조절 폴리펩타이드는 단일 폴리펩타이드 사슬이거나 또는 예를 들어 사슬간 다이설파이드 결합에 의해, 서로 공유결합된 적어도 두 개의 폴리펩타이드 사슬의 멀티머(다이어머 또는 고차수의 멀티머)일 수 있다. 따라서, 모노머, 다이어머 및 고차수 멀티머 폴리펩타이드는 상기 정의된 용어 범위 내에 포괄된다. 멀티머 폴리펩타이드는 호모멀티머(동일한 폴리펩타이드 사슬들의) 또는 헤테로멀티머(비-동일 폴리펩타이드 사슬들의)일 수 있다. 면역조절 폴리펩타이드는 변이체 CD80을 포함할 수 있다.

[0118] 본 명세서에서 용어 "증가하다"라 함은 통계적으로 유의한 양으로 증가하는 것을 의미한다. 증가는 비-제대조군 값보다 적어도 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 75%, 100%, 또는 그 이상 클 수 있다.

[0119] CD80의 "이소폼(isoform)"은 아미노산 서열을 달리하는, 복수개의 자연발생적인 CD80 폴리펩타이드들 중 하나이다. 이소폼은 단일 유전자에 의해 발현된 RNA 전사체의 스플라이스 변이체의 산물이거나 또는 유전자 복제로부터 일어날 수 있는 것과 같은 기능적으로 유사한 단백질을 생성하는 고도로 유사하지만 상이한 유전자들의 발현 산물일 수 있다. 본 명세서에서 CD80의 "이소폼"이라는 용어는 CD80 유전자의 상이한 대립유전자(alleles)의 산물을 가리키기도 한다.

[0120] 본 명세서에서 "림프구"라는 용어는 포유동물 면역계에서 백혈구 세포의 3가지 서브타입 중 어느 하나를 의미한다. 이들은 내추럴 킬러 세포(NK 세포) (세포-매개된, 선천성 세포독성 면역에서 기능한다), T 세포(세포매개된, 후천성 세포독성 면역용), 및 B 세포(체액성의, 항체-구동된 후천성 면역용)를 포함한다. T 세포에는:T

헬퍼 세포, 세포독성 T-세포, 내츨릴 킬러 T-세포, 메모리 T-세포, 조절 T-세포, 또는 감마 델타 T-세포가 포함된다. 선천성 림프구 세포(ILC) 역시도 림프구 정의에 포함된다.

[0121] [121] "포유동물", 또는 "환자"라는 용어는; 인간, 침팬지, 레수스 원숭이, 시노몰구스 원숭이, 개, 고양이, 마우스 또는 래트 중 적어도 하나를 특별히 포함한다.

[0122] [122] 본 명세서에서 용어 "막 단백질"은 생리적 조건 하에서, 지질 이중층에 직접 또는 간접적으로 부착되는 단백질을 의미한다. 막을 형성하는 지질 이중층은 진핵세포(예컨대 포유동물) 세포막 또는 인공(즉, 사람이-만든) 막 예컨대 리포솜에서 발견되는 막과 같은 생물학적 막일 수 있다. 지질 이중층에 대한 막 단백질의 부착은 공유 결합, 또는 비-공유적 상호작용 예컨대 소수성 또는 정전기 상호작용에 의한 것일 수 있다. 막 단백질은 내재성(integral) 막 단백질 또는 외재성(peripheral) 막 단백질일 수 있다. 외재성 막 단백질인 막 단백질은 내재성 막 단백질에 비공유적으로 부착되거나 지질 이중층에 비공유적으로 부착된다. 외재성 막 단백질은 지질 이중층에 일시적으로 부착되어 포유동물의 생리적 조건 범위 하에서, 외재성 막 단백질은 지질 이중층과 회합 및/또는 해리될 수 있다. 외재성 막 단백질과 대조적으로, 내재성 막 단백질은 막의 지질 이중층에 실제로 영구적인 결합을 형성하여 포유동물의 생리적 조건 범위에서, 내재성 막 단백질은 지질 이중층에 대한 그의 결합으로부터 해리되지 않는다. 막 단백질은 지질 이중층의 한 개층(모노토픽)을 통해 막에 부착되거나, 또는 막의 두 개층 모두(폴리토픽)에 부착될 수 있다. 오직 하나의 지질 이중층과 상호작용하는 내재성 막 단백질은 "내재성 모노토픽 단백질"이다. 지질 이중층 두 개 모두와 상호작용하는 내재성 막 단백질은 "내재성 폴리토픽 단백질"이며 달리 본 명세서에서 "막관통 단백질"이라고도 칭해진다.

[0123] [123] 본 명세서에서 포유동물의 면역 반응과 같은 면역 반응 맥락에서 "조절하는" 또는 "조절하다"라는 용어는 본 발명의 변이체 CD80을 포함하는 면역조절 폴리펩타이드의 투여 결과로 또는 본 발명의 변이체 CD80 막관통 면역조절 단백질과 같은 면역조절 단백질을 발현하는 조작된 세포의 투여 결과로 일어나는, 존재하거나 또는 잠재적인 면역 반응의 증가 또는 감소와 같은 임의의 변경을 가리킨다. 따라서, 이 용어는 변이체 CD80을 포함하는 면역조절 단백질이 투여된 경우 또는 투여되지 않은 경우 일어나거나 존재하는 면역 반응에 비해, 면역 반응의 증가 또는 감소와 같은 변경을 의미한다. 이러한 조절은 면역 세포의 면역학적 활성의 면역학적 활성의 정도나 범위의 유도, 활성화, 억제 또는 변경을 모두 포함한다. 면역 세포에는 B 세포, T 세포, NK (내츨릴 킬러) 세포, NK T 세포, 프로페셔널 항원-제시 세포(APCs), 및 비-프로페셔널 항원-제시 세포, 및 염증 세포(호중구, 대식세포, 단핵구, 호염기구)가 포함된다. 조절은 기존의 면역 반응, 발달중인 면역 반응, 잠재적인 면역 반응, 또는 면역 반응을 유도, 조절하거나 면역반응에 영향을 주거나 또는 면역반응에 응답하는 능력에 대한 여하한 변화를 모두 포함한다. 조절은 면역 반응의 일부로서 면역 세포 내 유전자, 단백질 및/또는 기타 분자들의 발현 및/또는 기능에서의 여하한 변경을 모두 포함한다. 면역학적 활성의 조절 또는 면역 반응의 조절에는 예컨대 다음이 포함된다: 면역 세포의 제거, 결실 또는 격리(sequestration); 자가반응성 림프구, 항원 제시 세포 또는 염증 세포와 같은 기타 세포들의 기능성 성능을 조절할 수 있는 면역 세포의 유도 또는 생성; 면역 세포에서의 비반응성 상태의 유도(즉, 무감작(anergy)); 비제한적인 예로서, 이들 세포에 의해 발현되는 단백질의 패턴을 변형시키는 것을 비롯한, 면역 세포의 활성 또는 기능을 증강 또는 억압하는 것. 이의 예로는 사이토카인, 케모카인, 성장 인자, 전사 인자, 키나아제, 공동자극 분자 또는 기타 세포 표면 수용체들과 같은 특정 부류의 분자들의 변경된 생성 및/또는 분비, 또는 이들 조절 이벤트들의 여하한 조합을 들 수 있다. 조절은 예컨대 일차 T 세포 분석법에서 야생형 또는 변형되지 않은 CD80 대조군과 비교한 IFN-감마 (인터페론 감마)의 변경에 의해 평가될 수 있다 [참조: Zhao 및 Ji, Exp Cell Res. 2016 Jan1; 340(1) 132-138]. 조절은 예를 들어, 야생형 CD80 막관통 단백질에 의해 조작된 세포와 비교시 조작된 세포의 사이토카인 분비의 변경 또는 조작된 세포의 세포독성 활성의 변경과 같이, 조작된 세포의 면역학적 활성의 변경에 의해 평가할 수 있다.

[0124] [124] "멀티머화 도메인"이라는 용어는 어떤 폴리펩타이드 분자와 하나 이상의 부가적인 폴리펩타이드 분자와의 안정한 상호작용을 촉진시키는 아미노산 서열을 가리키는 것으로 상기 부가적인 폴리펩타이드들 각각은 첫 번째 도메인과 안정한 멀티머를 형성하는 동일 또는 상이할 수 있는 멀티머화 도메인을 함유하는 것들이다. 일반적으로, 폴리펩타이드는 멀티머화 도메인에 직접 또는 간접적으로 결합된다. 예시적인 멀티머화 도메인에는 면역글로불린 서열 또는 그의 일부, 류신 지퍼, 소수성 영역, 친수성 영역 및 호환가능한(compatible) 단백질-단백질 상호작용 도메인들이 포함된다. 멀티머화 도메인은, IgG1, IgG2, IgG3 또는 IgG4 서브타입을 비롯한 IgG, IgA, IgE, IgD 및 IgM 및 이들의 변형된 형태로부터의 면역글로불린 불변 영역 또는 도메인, 예컨대 Fc 도메인 또는 그의 일부일 수 있다.

[0125] [125] 용어 "핵산" 및 "폴리뉴클레오타이드"는 단일가닥 또는 이중가닥 형태의 핵산 잔기 (예컨대, 데옥시리보뉴클레오타이드 또는 리보뉴클레오타이드)의 폴리머를 가리키는 용어로 호환적으로 사용된다. 달리 특별히 한정

하지 않는 한 이 용어들은 천연 뉴클레오타이드들의 공지 유사체를 함유하는 핵산 및 그에 대한 유사한 결합 특성을 갖고 자연발생적인 뉴클레오타이드들과 유사한 방식으로 대사되는 것들을 포괄한다. 달리 언급되지 않는 한, 특정한 핵산 서열은 명시적으로 지목된 서열("레퍼런스 서열") 뿐만 아니라 그의 보존적으로 변형된 변이체(예컨대, 축퇴 코돈 치환) 및 상보적인 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 구체적으로, 축퇴 코돈 치환은 혼합-염기 및/또는 테옥시노신 잔기들에 의해 치환된 하나 이상의 선택된(또는 모든) 코돈들의 세 번째 위치가 혼합-염기 및/또는 테옥시노신 잔기들에 의해 치환된 서열을 생성함으로써 얻을 수 있다. 핵산 또는 폴리뉴클레오타이드라는 용어는 어떤 유전자에 의해 인코딩된 cDNA 또는 mRNA도 포괄한다.

[0126] **[126]** 본 명세서에서 "분자종들"이라는 용어는 1차 아미노산과 동일 또는 실질적으로 동일한 단백질들의 앙상블을 의미하는데 이용된다. 각각의 포유동물 면역글로불린 슈퍼패밀리(IgSF) 멤버는 동일 또는 실제로 동일한 분자종들의 집합을 정의한다. 그러므로, 예컨대 인간 CD80은 IgSF 멤버이고 각각의 인간 CD80 분자는 CD80의 분자종이다. 동일한 분자종들의 분자들 간에도, 글리코실화, 인산화, 유키퀴틴화, 니트로실화, 메틸화, 아세틸화 및 지질화와 같은 번역후 변형에서의 차이로 인해, 변이가 일어날 수 있다. 이에 더해, 예컨대, 단백질분해 절단으로 인한 단일 분자종들의 야생형 트렁케이트 형태가 그러하듯, 유전자 다형성으로 인해 단일 분자종들 간에도 마이너한 서열 차이가 있을 수 있어 단일 분자종들 사이에 또 다른 형태의 변이 형태가 나타날 수 있다. "세포 표면 분자종들"은 포유동물 세포의 표면에서 발견되는 분자종들이다. IS를 형성하는 2개의 포유동물 세포들 중 어느 한쪽에만(두 개 모두에는 아님) 배타적으로 존재하는, 2 이상의 상이한 단백질 종들은 서로 "시스" 또는 "시스 배열" 상태에 있다고 칭해진다. 2가지 상이한 단백질 종들로서, 첫 번째 종은 IS를 형성하는 2개의 포유동물 세포들 중 하나에만 배타적으로 존재하고 두 번째 종은 IS를 형성하는 2개의 포유동물 세포들 중 다른 하나에만 배타적으로 존재하는 경우, 이들 2 가지 상이한 단백질 종들은 "트랜스" 또는 "트랜스 배열" 상태에 있다고 칭해진다. 각 단백질이 IS를 형성하는 2개의 포유동물 세포 모두에 존재하는 2개의 상이한 단백질 종들은 이들 세포에서 시스 배열과 트랜스 배열 모두로 존재하는 것이다.

[0127] **[127]** 본 명세서에서 용어 "비-경쟁적 결합(비-competitive binding)"이라 함은 어떤 단백질이 적어도 2개의 동족 결합 파트너들과 동시에 특이적으로 결합하는 능력을 의미한다. 따라서, 비록 결합 반응이 동일 기간 동안 존재할 할 필요는 없으나, 적어도 2개의 상이한 동족 결합 파트너들에 대해 당해 단백질에 동시에 결합할 수 있으므로, 몇몇 경우, 당해 단백질은 동족 결합 파트너들 중 오직 하나에만 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 결합은 특이적인 결합 조건 하에 일어난다. 일부 구체예에서, 동시 결합은 하나의 동족 결합 파트너의 결합이 제2 동족 결합 파트너의 동시적인 결합을 실질적으로 저해하지 않도록 한다. 일부 구체예에서, 비-경쟁적 결합은 비-경쟁적 결합은 제2 동족 결합 파트너를 단백질 상의 그의 결합 부위에 결합시키는 것이 제1 동족체 결합 파트너의 단백질상 의 그의 결합 부위에 대한 결합을 대체하지 않는다는 것을 의미한다. 비-경쟁적 결합의 평가 방법은 예를 들어 문헌 [Perez de La Lastra et al., Immunology, 1999 Apr; 96(4): 663-670]에 설명된 바와 같이 기술분야에 잘 알려져 있다. 몇몇 경우, 비-경쟁적 상호반응에서, 제2 동족 결합 파트너가 제1 동족 결합 파트너의 결합을 직접적으로 간섭하지 않게끔, 제1 동족 결합 파트너는 제2 동족 결합 파트너의 상호반응 부위와 중복되지 않는 상호반응 부위에서 특이적으로 결합한다. 따라서, 제2 동족 결합 파트너의 결합에 의한 동족 결합 파트너의 결합에 미치는 효과는 어느 것이든 제1 동족 결합 파트너의 결합을 직접적으로 간섭하는 것을 제외한 메커니즘을 통한 것이다. 예를 들어, 효소-기질 상호반응 맥락에서, 비-경쟁적 억제제는 효소의 활성 부위 이외의 부위에 결합한다. 비-경쟁적 결합은, 제2 동족 결합 파트너가 제1 동족 결합 파트너의 결합과 중복되지 않는 상호반응 부위에 특이적으로 결합하지만 제1 상호반응 부위가 제1 동족 결합 파트너에 의해 점령된 경우에 한해 제2 상호반응 부위에 결합하는, 비경쟁적(uncompetitive) 결합 상호반응을 포괄한다.

[0128] **[128]** "의약 조성물"이라는 용어는 포유동물 대상자, 종종 인간에 있어서 의약 요도로 적합한 조성물을 가리킨다. 의약 조성물은 일반적으로 유효량의 활성물질(예컨대, 변이체 CD80 막관통 면역조절 단백질을 발현하는 조작된 세포 또는 변이체 CD80을 포함하는 면역조절 폴리펩타이드) 및 담체, 부형제 또는 희석제를 포함한다. 담체, 부형제, 또는 희석제는 일반적으로 각각 약학적으로 허용가능한 담체, 부형제 또는 희석제를 말한다.

[0129] **[129]** "폴리펩타이드" 및 "단백질"라는 용어는 본 명세서에서 호환적으로 사용되며 펩타이드 결합을 통해 2 이상의 아미노산들이 연결되어 있는 분자쇄를 가리킨다. 이 용어는 생성물의 특정 길이를 지칭하는 것이 아니다. 그러므로, "펩타이드" 및 "올리고펩타이드"는 폴리펩타이드 정의에 포함된다. 이 용어는 예컨대 글리코실화, 아세틸화, 인산화 등과 같은 폴리펩타이드의 번역후 변형을 포함한다. 이 용어는 또한 하나 이상의 아미노산 유사체 또는 비정규적인 또는 비천연 아미노산들이 공지의 단백질 조작 기술을 이용하여 합성되거나 재조합적으로 발현되는 분자들도 포괄한다. 이에 더해, 단백질은 유도화될 수 있다.

[0130] **[130]** 본 명세서에서 "일차 T-세포 분석(primary T-cell assay)"이라 함은 인터페론 감마("IFN-감마") 발현을

측정하기 위한 시험관내 분석법을 가리킨다. 이러한 다양한 일차 T-세포 분석법은 실시예 6에 설명된 바와 같이 기술분야에 공지이다. 바람직한 구체예에서, 사용된 분석법은 항-CD3 공동고정화 분석법이다. 이 분석법에서, 일차 T 세포는 부가적인 재조합 단백질 존재 또는 부재 하에 고정된 항-CD3에 의해 자극된다. 배양 상등액을 대개 24-72시간 경과 시점에서 수확한다. 또 다른 구체예에서, 사용된 분석법은 혼합 림프구 반응(MLR)이다. 이 분석법에서 일차 T 세포들은 동종이형(allogenic) APC에 의해 자극된다. 배양 상등액은 대개 24-72 시간 경과 시점에서 수확된다. 배양 상등액 중 인간의 IFN-감마 수준을 표준 ELISA 기술로 측정한다. 납품업체들로부터 상업용 키트를 구입할 수 있으며 제조업자의 권장 지침에 따라 분석을 수행하면 된다.

[0131] [131] 본 발명의 면역조절 단백질을 인코딩하는 것과 같은 핵산에 적용되는 바와 같은 "정제된(purified)"이라는 용어는 일반적으로 기술 분야에 잘 알려진 분석 기술에 의해 탐지되는 다른 성분들이 실제로 없는 핵산 또는 폴리펩타이드를 의미한다 (예컨대, 정제된 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드는 전기영동 겔, 크로마토그래피 유출물, 및/또는 밀도구배 원심분리 처리되는 매질에서 불연속 밴드를 형성한다). 예컨대, 전기영동 겔에서 기본적으로 하나의 밴드로 나타나는 핵산 또는 폴리펩타이드는 "정제"된 것이다. 본 발명의 정제된 핵산 또는 단백질은 적어도 약 50% 순수하고, 대체로 적어도 약 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 99% 또는 그 이상 순수한 것이다 (예컨대 중량 백분율 또는 몰 기준임).

[0132] [132] "재조합(recombinant)"이라는 용어는 물질(예컨대 핵산 또는 폴리펩타이드)이 인간의 개제로 인해 인공적으로(즉, 비-자연적으로) 변경되었음을 가리킨다. 이러한 변경은 그의 자연 환경 또는 상태 내의 물질에 대해 수행되거나 또는 자연 환경 또는 상태에서부터 제거될 수 있다. 예를 들어, "재조합 핵산"은 예컨대 클로닝, 친화성 변형, DNA 서플링 또는 기타 공지의 분자생물학적 과정이 일어나는 동안 핵산을 재조합적으로 조합함으로써 만들어지는 것이다. "재조합 DNA 분자"는 이러한 분자생물학적 기술 수단에 의해 함께 연결된 DNA의 세그먼트들로 이루어진다. 본 명세서에서 "재조합 단백질" 또는 "재조합 폴리펩타이드"라 함은 재조합 DNA 분자를 이용하여 발현되는 단백질 분자이다. "재조합 숙주 세포"는 재조합 핵산을 함유 및/또는 발현하는 세포이거나 또는 예컨대 세포 내로 분원에서 제공된 막관통 면역조절 단백질과 같은 재조합 단백질을 인코딩하는 핵산 분자를 도입하는 것과 같은 유전자 조작에 의해 달리 변경된 세포이다. 진핵생물 중의 전사 조절 시그널은 "프로모터"와 "인핸서" 요소를 포함한다. 프로모터 및 인핸서는 전사에 관여하는 세포상 단백질과 특이적으로 상호작용하는 DNA 서열들의 짧은 어레이로 구성된다. 프로모터 및 인핸서 요소들은 효모, 곤충 및 포유동물 세포를 비롯한 다양한 진핵생물 소스 및 바이러스로부터 분리된 바 있다(유사 조절 요소, 즉 프로모터들은 원핵세포에서도 발견된다). 특정한 프로모터 및 인핸서의 선택은 목적하는 단백질을 발현시키기 위해 어떤 세포 유형을 이용할 것인지에 의해 좌우된다. 본 명세서에서 "작동가능한 조합으로(in operable combination)," "작동가능한 순서로(in operable order)" 및 "작동가능하게 연결된(operably linked)"이라는 용어들은 목적하는 단백질 분자의 합성 및/또는 주어진 유전자의 전사를 지시할 수 있는 핵산 분자가 생산되는 방식으로 또는 그러한 배열로 이루어진 핵산 서열의 결합(linkage)을 가리킨다.

[0133] [133] 본 명세서에서 용어 "재조합 발현 벡터"라 함은 목적하는 특정 숙주 세포에서 작동가능하게 연결된 코딩 서열의 발현에 필요한 적절한 핵산 서열 및 코딩 서열을 함유하는 DNA 분자를 가리킨다. 원핵세포에서의 발현에 필요한 핵산 서열들에는 프로모터, 임의로 오퍼레이터 서열, 리보솜 결합 부위 및 가능하게는 기타 서열들이 포함된다. 진핵 세포들은 프로모터, 인핸서 그리고 종결 및 폴리아데닐화 시그널을 이용하는 것으로 알려져 있다. 소망될 경우, 세포로부터의 보다 용이한 융합 단백질의 분리를 위해, 분비 시그널 펩타이드 서열은 또한, 임의로 재조합 융합 단백질과 같은 재조합 단백질에 대한 코딩 서열에 작동적으로 연결된 재조합 발현 벡터에 의해 인코딩되어, 발현된 융합 단백질이 재조합 숙주 세포에 의해 분비될 수 있다. 이 용어는 이것이 도입된 숙주 세포의 계통 내로 병합된 벡터 뿐만 아니라 자가-복제 핵산 구조물로서의 벡터도 포함한다. 벡터에는 렌티바이러스 벡터와 같은 바이러스 벡터를 들 수 있다.

[0134] [134] 용어 "선택성"은 다른 동족 결합 결합 파트너와 같은 다른 기질에 대한 특이적 결합과 비교하여 하나의 동족 결합 결합 파트너와 같은 하나의 기질의 특이적 결합에 대한 대상 단백질 또는 폴리펩타이드의 선호를 지칭한다. 선택성은 제1 동족 결합 파트너 (예컨대, K_{d1})와 같은 제1 기질과 대상 단백질의 결합 활성 (예컨대 결합 친화성)과, 제2 동족 결합 파트너 (예컨대, K_{d2})와 동일한 대상 단백질의 결합 활성 (예컨대 결합 친화성)과의 비율로서 반영될 수 있다.

[0135] [135] 본 명세서에서 "서열 동일성(sequence identity)"이라는 용어는 각각 뉴클레오타이드 또는 아미노산 수준에서 유전자들 또는 단백질들 간의 서열 동일성을 가리킨다. "서열 동일성"은 뉴클레오타이드 수준에서 핵산들 간의 동일성의 척도이자 아미노산 수준에서의 단백질들 간의 동일성의 척도이다. 단백질 서열 동일성은 아미노

산 서열들이 정렬된 경우 각 서열들에 있어서의 주어진 위치에서 아미노산 서열을 비교함으로써 알아낼 수 있다. 마찬가지로, 핵산 서열 동일성은 뉴클레오타이드 서열들이 정렬된 경우 각 서열에서의 주어진 위치에서 뉴클레오타이드 서열을 비교함으로써 알아낼 수 있다. 비교를 위한 서열의 정렬 방법은 기술 분야에 잘 알려져 있으며, 이러한 방법으로는 GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA 및 TFASTA를 들 수 있다. BLAST 알고리즘은 퍼센트 서열 동일성을 산출하는데 2개의 서열들 간의 유사성을 통계적으로 분석한다. BLAST 분석법을 수행하는 소프트웨어는 National Center for Biotechnology Information (NCBI) 웹사이트를 통해 공공연히 입수가 가능하다.

[0136] [136] 명세서에서 단백질과 관련하여 "가용성(soluble)"이라 함은, 그 단백질이 막 단백질이 아님을 의미한다. 일반적으로, 가용성 단백질은 IgSF 패밀리의 멤버 수용체의 세포외 도메인만을, 또는 IgSF 도메인 또는 도메인들을 함유하는 그의 일부 또는 그의 특이적-결합 단편만을 독점적으로 함유할 뿐 막관통 도메인은 함유하지 않는다. 일부 경우에서, 단백질의 가용성은 Fc 도메인에 대한 직접 또는 링커를 통한 간접적 연결 또는 결합에 의해 향상될 수 있고, 몇몇 경우에는 이러한 연결 또는 결합은 단백질의 안정성 및/또는 반감기도 향상시킬 수 있다. 일부 측면에서, 가용성 단백질은 Fc 융합 단백질이다.

[0137] [137] 본 명세서에서 폴리펩타이드 또는 핵산과 관련하여 사용될 경우 용어 "종(species)"은 동일하거나 실제로 동일한 서열들을 갖는 분자들의 앙상블을 의미한다. 동일한 종의 폴리펩타이드들 사이에서 변이는 글리코실화, 포스포릴화, 유비퀴틴화, 니트로실화, 메틸화, 아세틸화 및 지질화와 같은 후-번역 변형의 차이로 인해 일어날 수 있다. 아미노-말단 또는 카르복실-말단의 전장 중이 1, 2, 또는 3 아미노산 미만만큼 다른(또는 이러한 차이를 인코딩하는) 폴리펩타이드의 약하게 트렁크화된 서열은 단일 종의 것으로 간주된다. 이러한 마이크로이질성은 제조된 단백질들의 공통적인 속성이다.

[0138] [138] 본 명세서에서 전장 야생형 포유동물 CD80 폴리펩타이드 또는 그의 IgV 또는 IgC 도메인과 관련하여 사용될 경우 용어 "특이적 결합 단편"은 IgV 및/또는 IgC 도메인의 서브서열을 갖고 시험관내 및/또는 생체내에서 포유동물 CD28, 포유동물 PD-L1 및/또는 포유동물 CTLA-4, 예컨대 인간 또는 쥐의 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 특이적으로 결합하는 폴리펩타이드를 의미한다. 일부 구체예에서, CD80 IgV 또는 CD80 IgC의 특이적 결합 단편은 전장 야생형 길이의 적어도 60%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 길이를 갖는다. 특이적 결합 단편은 서열 변경에 의해 변이체 CD80을 형성할 수 있다.

[0139] [139] 본 명세서에서 "특이적으로 결합하다"라는 표현은, 특이적인 결합 조건 하에서, 충분한 통계적 크기를 갖는 무작위적인 펩타이드 또는 폴리펩타이드의 집합체에 대한 동일 단백질의 평균적인 친화성이나 결합능에 비해, 그의 친화성 또는 결합능이 적어도 5배, 그러나 임의로 10, 20, 30, 40, 50, 100, 250 또는 500배, 심지어 적어도 1000배 더 커지는, 표적 단백질에 대한 단백질의 결합 능력을 의미한다. 특이적으로 결합하는 단백질은 단일 표적 분자에만 결합할 필요는 없으며 표적과 비-표적(예컨대 파라로그(유사체:paralogs) 또는 오솔로그(이종상동체: orthologs)) 사이의 구조적 배열의 유사성으로 인해, 비-표적 분자에도 특이적으로 결합할 수 있다. 통상의 기술자라면 상이한 동물종에서 동일한 기능을 갖는 분자에 대한 특이적 결합(즉 오솔로그) 또는 표적 분자와 실질적으로 유사한 에피토프를 갖는 비-표적 분자에 대한 특이적 결합(예컨대, 파라로그)이 가능함과 독특한 비-표적(예컨대 무작위적인 폴리펩타이드)의 통계적으로 합당한 집합에 대해 상대적으로 구해지는 결합의 특이성과 상충하지 않는다는 것을 이해할 것이다. 따라서, 본 발명의 폴리펩타이드는 교차-반응성으로 인해, 표적 분자의 두 개 이상의 상이한 종들과 특이적으로 결합할 수도 있다. 2개의 단백질들 간의 특이적 결합을 알아내기 위해 고체상 ELISA 면역분석법 또는 Biacore 측정을 이용할 수 있다. 일반적으로, 2개의 결합 단백질들 간의 상호반응들의 해리 상수(Kd)는 1×10^{-5} M 미만이고, 흔히 1×10^{-12} M 정도로 낮다. 본 발명의 특정 구체예에서, 2개의 결합 단백질들 간의 상호반응의 해리 상수는 1×10^{-6} M, 1×10^{-7} M, 1×10^{-8} M, 1×10^{-9} M, 1×10^{-10} M 또는 1×10^{-11} M이다.

[0140] [140] 폴리펩타이드를 발현하는 포유동물 세포와 관련하여 "표면 발현하다" 또는 "표면 발현"이라는 용어는 그 폴리펩타이드가 막 단백질로서 발현됨을 의미한다. 일부 구체예에서, 막 단백질은 막관통 단백질이다.

[0141] [141] 예컨대 합성 핵산 분자 또는 합성 유전자 또는 합성 펩타이드와 관련한 "합성"이라는 용어는 제조법 및/또는 화학적 합성 방법에 의해 생산된 핵산 분자 또는 폴리펩타이드 분자를 가리킨다.

[0142] [142] 본 명세서에서 "표적화 모이어티(targeting moiety)"라 함은 변이체 CD80을 포함하는 폴리펩타이드에 공유적 또는 비공유적으로 결합하거나 또는 이를 물리적으로 내포하는 조성물을 가리킨다. 표적화 모이어티는 목적하는 카운터-구조물 예컨대, 세포 표면 수용체(예컨대, B7 패밀리의 멤버 PD-L1), 또는 종양 특이 항원(TSA)이나 종양 관련 항원(TAA) 예컨대 B7-H6과 같은 종양 항원에 대해 특이적인 결합 친화성을 갖는다.

일반적으로, 목적하는 카운터 구조물은 특이적인 조직 또는 세포-유형 상에 위치한다. 표적화 모이어티에는: 항체, 항원 결합 단편(Fab), V_H 및 V_L 를 함유하는 가변 단편(Fv), 하나의 사슬 내에 V_H 및 V_L 를 함께 연결한 채로 함유하는 단일사슬 가변 단편(scFv) 및 그 밖의 항체 V 영역 단편들, 예컨대 Fab', $F(ab)_2$, $F(ab')_2$, dsFv 다이아바디, 나노바디, 가용성 수용체들, 수용체 리간드들, 성숙한 친화성 수용체들 또는 리간드들, 그리고 소형 분자 (<500 dalton) 조성물 (예컨대, 특이 결합 수용체 조성물)이 포함된다. 표적화 모이어티는 또한 본 발명의 폴리펩타이드를 내포하는 리포솜의 지질 막에 공유적으로 또는 비공유적으로 결합할 수도 있다.

[0143] 본 명세서에서 용어 "막관통 단백질(transmembrane protein)"은 포유동물 세포와 같은 생물학적 막 또는 리포솜과 같은 인공 구조물에서 발견되는 지질 이중층과 같은 지질 이중층에 실질적으로 또는 완전히 걸쳐있는 (span) 막 단백질을 의미한다. 막관통 단백질은 이를 통해 지질 이중층에 통합되고 생리학적 조건 하에서 열역학적으로 안정한 막관통 도메인(transmembrane domain) ("transmembrane domain")을 포함한다. 막관통 도메인은 일반적으로 수성 환경(예컨대 세포질, 세포외 유액)과 상호작용하는 단백질 영역에 비해 높은 그의 소수성에 기초하여, 임의의 수의 상업적으로 이용 가능한 생물정보학 소프트웨어 적용을 통해 그들의 아미노산 서열로부터 예측 가능하다. 막관통 도메인은 종종 흔히 막을 통해 뚫어있는 소수성 알파 나선이다. 막관통 단백질은 지질 이중층의 두 층을 한 번 또는 여러 번 통과할 수 있다. 막관통 단백질은 본 명세서에 기술된 본원에서 제공된 막관통 면역조절 단백질을 포함한다. 막관통 도메인에 더해, 본 발명의 막관통 면역조절 단백질은 엑토도메인 및 일부 구체예에서 엔도도메인을 추가로 포함한다.

[0144] 본 명세서에서 질병 또는 장애와 관련하여 "치료하는", "치료" 또는 "치료법"이라는 용어는 치료 조성물 (예컨대, 면역조절 단백질 또는 조작된 세포를 함유하는)을 단독으로 또는 본 명세서에 설명된 다른 화합물과 조합 투여함으로써 임상적 또는 진단적 증상의 감소, 중단 또는 제거에 의해 입증되는 바와 같이 질병 또는 장애의 진행을 둔화, 중단 또는 역전시키는 것을 의미한다. "치료하는", "치료" 또는 "치료법"은 또한 급성 또는 만성 질병 또는 장애에 있어서 증상의 위중도의 감소 또는 자가면역 질환의 염증 측면에서 염증의 감소 또는 자가면역 질환 경과의 재발 또는 감퇴(remitting)의 경우 재발율의 감소를 의미하기도 한다. 본 명세서에서 암과 관련하여 암을 "치료" 또는 "억제하다", "억제하는" 또는 "억제"라는 의미는: 종양 성장 속도의 통계적으로 유의한 감소, 종양 성장의 중단, 또는 Response Evaluation Criteria for Solid Tumors(RECIST)와 같은 표준 기준법(그러나 이에 한정되지 않음)에 의해 측정되는 바와 같은, 종양의 크기, 질량, 대사 활성 또는 볼륨의 감소, 또는 무진행 생존(PFS: progression free survival) 또는 전체적인 생존(OS: overall survival)의 통계적으로 유의적인 증가 중 적어도 하나를 가리킨다. 본 발명의 문맥 상 본 명세서에서 질병 또는 장애와 관련하여 "예방하다", "예방 (prophylaxis, 또는 prevention)"의 의미는 본 발명의 폴리펩타이드 또는 조작된 세포를 단독으로 또는 다른 화합물과 조합하여, 투여하는 것을 의미한다. 질병 또는 장애 또는 질병 또는 장애의 증상의 일부 또는 전부의 개시 또는 발생을 방지하거나 또는 질병 또는 장애의 개시 가능성을 경감시키는 것을 의미한다.

[0145] 본 명세서에서 "종양 특이 항원(tumor specific antigen)" 또는 "TSA"라 함은 포유동물 대상자의 종양 세포에 주로 존재하지만 포유동물 대상자의 정상 세포에서는 일반적으로 발견되지 않는 카운터 구조물을 가리킨다. 종양 특이 항원은 종양 세포에 대해서만 배타적일 필요는 없으나 종양 특이 항원을 갖는 특정 포유동물 세포의 백분율은 충분히 높거나 또는 종양 표면에 대한 종양 특이 항원의 수준은 충분히 높아서 본 발명의 면역조절 폴리펩타이드와 같은 항-종양 요법에 의해 표적화될 수 있고, 종양의 효과로부터 포유동물의 예방 또는 치료가 제공된다. 일부 구체예에서, 종양이 있는 포유동물로부터의 세포의 무작위 통계 표본에서, TSA를 나타내는 세포들의 적어도 50%는 암세포이다. 또 다른 구체예에서, TSA를 나타내는 세포들의 적어도 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 99%는 암세포이다.

[0146] 본 명세서에서 변이체 CD80과 관련하여 사용된 용어 "변이체" ("변형된" 또는 돌연변이"라는 용어도)는 인간의 개입에 의해 생성된 포유동물 (예컨대, 인간 또는 쥐) CD80과 같은 CD80을 의미한다. 변이체 CD80은 비변형 또는 야생형 CD80에 상대적으로 변경된 아미노산 서열을 갖는 폴리펩타이드이다. 변이체 CD80은 하나 이상의 아미노산 치환, 결실, 부가, 또는 이의 조합에 의해 야생형 CD80 이소폼 서열과 상이한 폴리펩타이드이다. 본 발명의 목적 상, 변이체 CD80은 적어도 하나의 친화성 변형된 도메인을 함유하여, 이에 의해 하나 이상의 아미노산 차이가 IgSF 도메인 (예컨대 IgV 도메인)에서 발생한다. 변이체 CD80은 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 그 이상의 아미노산 차이, 예컨대 아미노산 치환을 포함한다. 변이체 CD80 폴리펩타이드는 일반적으로 대응하는 야생형 또는 비변형 CD80, 예컨대 SEQ ID NO:1의 서열, 그의 성숙한 서열 또는 그의 세포외 도메인 또는 IgSF 도메인을 함유하는 그의 일부에 대해 적어도 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%,

96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO:28, SEQ ID NO: 152, 또는 SEQ ID NO:372에 제시된 서열을 포함하는 대응하는 야생형 또는 비변형 CD80에 대해 적어도 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타낸다. 자연발생적인 아미노산 뿐만 아니라 비-자연발생적인 아미노산도 허용가능한 치환 또는 부가 범위 내에 포함된다. 변이체 CD80은 예를 들어, 드 노보 화학 합성, 드 노보 재조합 DNA 기술, 또는 이의 조합과 같은 임의의 특정 제조방법으로 한정되지 않는다. 본 발명의 변이체 CD80은 포유동물 중의 CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4 중 적어도 하나 또는 그 이상에 특이적으로 결합한다. 일부 구체예에서, 변경된 아미노산 서열은 비변형 또는 야생형 CD80 단백질에 비해 CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4에 대해 변경된(즉, 증가 또는 감소된) 결합 친화성 또는 결합능을 결과시킨다. 결합 친화성 또는 결합능의 증가 또는 감소는 유세포 분석법 등 잘 알려진 결합 분석법을 이용하여 알아낼 수 있다. Larsen 외, American Journal of Transplantation, Vol 5: 443-453 (2005). Linsley 외, Immunity, 1: 7930801 (1994)도 참조할 것. CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4에 대한 변이체 CD80 결합 친화성 또는 결합능의 증가는 CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4에 대한 비변형 또는 야생형 CD80의 그것에 대해 적어도 5% 더 큰 값일 수 있고 일부 구체예에서, 비변형 또는 야생형 CD80 대조군 값의 그것보다 적어도 10%, 15%, 20%, 30%, 40%, 50%, 100% 더 큰 것일 수 있다. CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4에 대한 CD80 결합 친화성 또는 결합능의 감소는 비변형 또는 야생형 CD80 대조군 값의 95% 이하의 값이고, 일부 구체예에서, 비변형 또는 야생형 CD80 대조군 값의 결합 친화성 또는 결합능의 80%, 70% 60%, 50%, 40%, 30%, 20%, 10%, 5% 이하 또는 검출 불가능한 것일 수 있다. 변이체 CD80 폴리펩타이드는 아미노산 잔기의 치환, 부가 또는 결실에 의해 일차 아미노산 서열이 변경된다. 변이체 CD80 폴리펩타이드와 관련하여 용어 "변이체"는 어떠한 특정 출발 조성물에 대한 조건이나 변이체 CD80을 생성하는 방법에 대한 어떠한 조건을 부과하는 것으로 여겨져서는 아니된다. 변이체 CD80은 야생형 포유동물 CD80 서열 정보로부터 출발하여 CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4에 결합하기 위해 인 실리코(in silico) 모델링된 다음 최종적으로 재조합 또는 화학적으로 합성에 의해 변이체 CD80을 수득할 수 있다. 한 가지 별법 사례에서, 변이체 CD80은 비변형 또는 야생형 CD80의 부위-지향된 돌연변이생성에 의해 생성될 수 있다. 그러므로, 변이체 CD80은 조성물(composition)일 수 있고 반드시 임의의 주어진 방법에 의해 생산되는 생성물이어야 할 필요는 없다. 재조합 방법, 화학적 합성 또는 이들의 조합을 포함하는 다양한 기술이 사용될 수 있다.

[0147] [147] 본 명세서에서 용어 "야생형" 또는 "천연 또는 자연 (natural 또는 native)"은 핵산 분자, 단백질 (예 : CD80), IgSF 구성원, 숙주 세포 등과 같은 생물학적 물질과 관련하여 사용되고, 자연에서 발견되고 인간의 개입에 의해 변형되지 않는 것들을 지칭한다.

[0148] II. 변이체 CD80 폴리펩타이드

[0149] [148] 본 발명에 따라 하나 이상의 CD80 동족 결합 파트너에 대해 변경된 (증가 또는 감소된) 결합 활성 또는 친화성을 나타내는 변이체 CD80 폴리펩타이드가 제공된다. 일부 구체예에서, CD80 동족 결합 파트너는 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드 또는 IgD 또는 그의 특이적 결합 단편을 함유하는 야생형 또는 비변형 CD80의 일부에 비해 면역글로불린 수퍼패밀리 (IgSF) 도메인 (IgD)에 하나 이상의 아미노산 변형, 예컨대 하나 이상의 치환 (또는 "돌연변이" 또는 "교체"), 결실 또는 부가를 포함한다.

[0150] [149] 따라서, 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)이 IgD에 있는 것인 변이체 IgD (이하 "vIgD"라 칭함)이거나 또는 이를 포함한다.

[0151] [150] 일부 구체예에서, IgD는 IgV 도메인 또는 IgC (예컨대 IgC2) 도메인 또는 IgV 도메인 또는 IgC (예컨대 IgC2) 도메인의 특이적 결합 단편, 또는 이의 조합을 포함한다. 일부 구체예에서, IgD는 CD80의 Ig 도메인의 임의의 조합 또는 전체적인 세포외 도메인(ECD)를 포함하여, IgV 및 IgC의 조합 또는 IgV 단독일 수 있다. 표 2는 CD80의 IgV 또는 IgC 영역에 대응하는 예시적인 잔기를 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편에 적어도 하나의 아미노산 변형(예컨대 치환)이 존재하는 IgV 도메인, 또는 IgC 도메인, 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편에 적어도 하나의 아미노산 변형(예컨대 치환)이 존재하는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함한다. 일부 구체예에서 변경된 결합 활성 또는 친화성으로 인해, 변경된 IgV 도메인 또는 IgC 도메인은 친화성 변형된 IgSF 도메인이다.

[0152] [151] 일부 구체예에서, 변이체는 비변형 CD80 서열의 서열에 비해 하나 이상의 IgSF 도메인에서 변형된다. 일부 구체예에서, 비변형 CD80 서열은 야생형 CD80이다. 일부 구체예에서, 비변형 또는 야생형 CD80은 천연 CD80

또는 그의 오솔로그의 서열을 갖는다. 일부 구체예에서, 비변형 CD80은 CD80의 세포외 도메인 (ECD) 또는 하나 이상의 IgSF 도메인을 함유하는 그의 일부이거나 또는 이를 포함한다 (표 2 참조). 일부 구체예에서, 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드의 세포외 도메인은 IgV 도메인 및 IgC 도메인 또는 도메인들을 포함한다. 그러나, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 및 IgC 도메인 또는 도메인들 두가지 모두를 반드시 포함할 필요는 없다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함하거나 기본적으로 이들로 구성된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함하거나 기본적으로 이들로 구성된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80은 가용성이고 막관통 도메인을 결여한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80은 막관통 도메인을 더 포함하며 일부 사례에서 세포질 도메인도 포함한다.

[0153] [152] 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드는 비제한적인 예로서 인간, 마우스, 시노몰구스 원숭이, 또는 래트 CD80 폴리펩타이드와 같은 포유동물 CD80 폴리펩타이드이다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 서열은 인간이다.

[0154] [153] 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드는 (i) SEQ ID NO: 1에 제시된 아미노산 서열 또는 시그널 서열이 결합된 그의 성숙 형태, (ii) SEQ ID NO: 1 또는 그의 성숙 형태에 대해 적어도 약 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함할 수 있거나, 또는 (iii) IgV 도메인 또는 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 함유하는, (i) 또는 (ii)의 단편이다.

[0155] [154] 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드는 CD80의 세포외 도메인 또는 그의 일부이거나 또는 이를 포함한다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28에 제시된 아미노산 서열, 또는 그의 오솔로그를 포함한다. 예를 들어, 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드는 (i) SEQ ID NO: 28에 제시된 아미노산 서열, (ii) SEQ ID NO: 28에 대해 적어도 약 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있거나, 또는 (iii) IgV 도메인 또는 IgC 도메인을 포함하는 (i) 또는 (ii)의 특이적 결합 단편이다. 일부 구체예에서, CD80의 야생형 또는 비변형 세포외 도메인은 CD28, PD-L1 또는 CTLA-4 중 하나 이상과 같이, 하나 이상의 CD80 동종 결합 단백질에 결합할 수 있다.

[0156] [155] 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 IgC 도메인, 또는 그의 특이적 결합 단편을 함유한다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드의 IgV 도메인은 SEQ ID NO: 152 또는 372에 제시된 아미노산 서열, 또는 그의 오솔로그를 포함한다. 예를 들어, 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드의 IgV 도메인은 (i) SEQ ID NO: 152 또는 372에 제시된 아미노산 서열, (ii) SEQ ID NO: 152 또는 372에 대해 적어도 약 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 함유할 수 있거나, 또는 (iii) (i) 또는 (ii)의 특이적 결합 단편이다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 IgV 도메인은 CD28, PD-L1 또는 CTLA-4 중 하나 이상과 같은, 하나 이상의 CD80 동종 결합 단백질에 결합할 수 있다.

[0157] [156] 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드의 IgC 도메인은 SEQ ID NO: 1의 잔기 145-230 또는 154-232에 제시된 아미노산 서열, 또는 그의 오솔로그를 포함한다. 예를 들어, 비변형 또는 야생형 CD80 폴리펩타이드의 IgC 도메인은 (i) SEQ ID NO: 1의 잔기 145-230 또는 154-232에 제시된 아미노산 서열, (ii) SEQ ID NO: 1의 잔기 145-230 또는 154-232에 대해 적어도 약 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 함유할 수 있거나, 또는 (iii) (i) 또는 (ii)의 특이적 결합 단편이다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 IgC 도메인은 하나 이상의 CD80 동종 결합 단백질에 결합할 수 있다.

[0158] [157] 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드는 CD80의 특이적 결합 단편, 예컨대 IgV 도메인 또는 IgC 도메인의 특이적 결합 단편을 함유한다. 일부 구체예에서 특이적 결합 단편은 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4와 결합할 수 있다. 특이적 결합 단편은 적어도 50 아미노산, 예컨대 적어도 60, 70, 80, 90, 100, 또는 110 아미노산의 아미노산 길이를 가질 수 있다. 일부 구체예에서, IgV 도메인의 특이적 결합 단편은 SEQ ID NO: 1의 아미노산 35-135 또는 37-138에 제시된 IgV 도메인의 길이의 적어도 약 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%인 아미노산 서열을 함유한다. 일부 구체예에서, IgC 도메인의 특이적 결합 단편은 SEQ ID NO: 1의 아미노산 145-230 또는 154-232로서 제시된 IgC 도메인의 길이의 적어도 약 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%인 아미노산 서열을 포함한다.

- [0159] [158] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 친화성 변형된 IgSF 도메인을 포함하는 ECD 도메인 또는 그의 일부를 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 IgC 도메인, 또는 IgV 도메인의 특이적 결합 단편 또는 IgC 도메인의 특이적 결합 단편을 포함할 수 있고 여기서 IgV 또는 IgC 도메인의 적어도 하나는 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 및 IgC 도메인, 또는 IgV 도메인의 특이적 결합 단편 및 IgC 도메인의 특이적 결합 단편을 포함할 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 전장 IgV 도메인을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 전장 IgC 도메인을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인의 특이적 결합 단편을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgC 도메인의 특이적 결합 단편을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 전장 IgV 도메인 및 전장 IgC 도메인을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 전장 IgV 도메인 및 IgC 도메인의 특이적 결합 단편을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인의 특이적 결합 단편인 및 전장 IgC 도메인을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인의 특이적 결합 단편인 및 IgC 도메인의 특이적 결합 단편을 포함한다.
- [0160] [159] 이러한 임의의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드의 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)은 CD80 폴리펩타이드 도메인들 중 임의의 어느 하나 이상에 위치할 수 있다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)은 변이체 CD80 폴리펩타이드의 세포외 도메인에 위치한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)은 IgV 도메인 또는 IgV 도메인의 특이적 결합 단편에 위치한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)은 IgC 도메인 또는 IgC 도메인의 특이적 결합 단편에 위치한다.
- [0161] [160] 일반적으로, 폴리펩타이드들의 다양한 각 속성들을 이하에 개별적으로 개시한다 (예컨대, 가용성 및 막 결합 폴리펩타이드, CD28, PD-L1, 및 CTLA-4에 대한 CD80의 친화성, 폴리펩타이드 사슬 당 변이 갯수, 연결된 폴리펩타이드 사슬 갯수, 변이체 CD80 당 아미노산 변경의 갯수 및 성질, 등). 그러나, 통상의 기술자에게는, 임의의 특정한 폴리펩타이드가 이들 독립적인 속성들의 조합을 포함할 수 있다는 것이 명확히 이해될 것이다. IgSF 도메인의 도메인 조직을 설명하는데 사용된 SEQ ID NO로서 제시된 특정 서열에 대한 것을 비롯하여 아미노산을 참조로 한 것은 어디까지나 설명 목적을 위한 것일 뿐 제공된 구체예 범위로 본 발명이 한정되는 것은 아닌 것으로 이해되어야 한다. 폴리펩타이드 및 그의 도메인 설명은 상동성 분석 및 유사 분자의 정렬에 기초하여 이론적으로 유도된 것이다. 그러므로, 정확한 위치는 달라질 수 있고, 각 단백질에 대해 반드시 동일할 필요는 없다. 따라서, 특이적 IgSF 도메인, 예컨대 특이적 IgV 도메인 또는 IgC 도메인은 수 개의 아미노산 (예컨대 1, 2, 3 또는 4개)만큼 짧거나 길 수 있다.
- [0162] [161] 또한, 이하에 설명되는 바와 같은 본 발명의 다양한 구체예는 위에 개시된 바와 같이 정의된 용어의 의미 내에서 제공된다. 따라서, 특정 정의에 설명된 구체예들은 정의된 용어가 본 명세서에서 설명된 다양한 양상 및 속성을 설명하는데 이용될 때 참조로서 포함되는 것으로 해석되어야 한다. 따라서, 표제, 다양한 양태 및 구체예의 제시 순서, 및 각각의 독립적인 속성의 개별적인 개시는 본 개시의 범위에 대한 제한을 의미하지 않는다.
- [0163] **예시적인 변형 (Exemplary Modifications)**
- [0164] [162] 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 함유된 IgSF 도메인에 비해 적어도 하나의 친화성-변형된 IgSF 도메인 (예컨대 IgV 또는 IgC) 또는 그의 특이적 결합 단편을 함유하는 변이체 CD80 폴리펩타이드가 제공되며 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 리간드 CD28, PD-L1 또는 CTLA-4 중 하나 이상에 대해 변경된 (증가 또는 감소된) 결합 활성 또는 친화성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 예를 들어, 고상 ELISA 면역분석법, 유세포 분석법 또는 Biacore 분석법에 의해 측정되는 바와 같이 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드 대조군 서열의 그것과는 다른, CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대한 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4는 인간 단백질 또는 쥐의 단백질과 같은 포유동물 단백질일 수 있다.
- [0165] [163] 각각의 동족 결합 파트너에 대한 결합 친화성은 독립적이다; 즉, 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드와 비교시, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28, PD-L1, 및 CTLA-4 중 하나, 두개 또는 세개에 대해 증가된 결합 친화성을 갖고/갖거나 CD28, PD-L1, 및 CTLA-4 중 하나, 두개 또는 세개에 대해 감소된 결합

친화성을 갖는다.

- [0166] [164] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, CD28에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, PD-L1에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 PD-L1에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다.
- [0167] [165] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28 및 PD-L1에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28에 대해 증가된 결합 친화성 및 PD-L1에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28 및 PD-L1에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28에 대해 감소된 결합 친화성 및 PD-L1에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다.
- [0168] [166] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28에 대해 증가된 결합 친화성 및 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28 및 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28에 대해 감소된 결합 친화성 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다.
- [0169] [167] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 PD-L1 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 PD-L1에 대해 증가된 결합 친화성 및 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 PD-L1 및 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 PD-L1에 대해 감소된 결합 친화성 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다.
- [0170] [168] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, PD-L1, 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28 및 PD-L1에 대해 증가된 결합 친화성 및 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성, 및 PD-L1에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28 및 PD-L1에 대해 감소된 결합 친화성 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28에 대해 증가된 결합 친화성, 및 PD-L1 및 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, CTLA-4, 및 PD-L1에 대해 감소된 결합 친화성을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28에 대해 감소된 결합 친화성 및 PD-L1 및 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 갖는다.
- [0171] [169] 일부 구체예에서, CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 증가 또는 감소된 결합 친화성을 갖는 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드 대조군에 비해 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 적어도 약 5%, 예컨대 적어도 약 10%, 15%, 20%, 25%, 35%, 또는 50% 증가된 결합 친화성을 가질 것이다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드와 비교시 결합 친화성 증가는 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배 40배 또는 50배 이상이다. 그러한 예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 포함하지 않는 것을 제외하고 변이체 CD80 폴리펩타이드와 동일한 서열을 갖는다.

- [0172] [170] 일부 구체예에서, CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 감소 또는 저감된 결합 친화성을 갖는 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드 대조군에 비해 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 적어도 약 5%, 예컨대 적어도 약 10%, 15%, 20%, 25%, 35%, 또는 50% 감소된 결합 친화성을 가질 것이다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드와 비교시 결합 친화성 감소는 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배 40배 또는 50배 이상이다. 그러한 예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드는 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 함유하지 않는 것을 제외하고 변이체 CD80 폴리펩타이드와 동일한 서열을 갖는다.
- [0173] [171] 일부 구체예에서, CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대한 전술한 구체예들 중 어느 하나의 평형 해리 상수 (K_d)는 1×10^{-5} M 미만, 1×10^{-6} M 미만, 1×10^{-7} M 미만, 1×10^{-8} M 미만, 1×10^{-9} M 미만, 1×10^{-10} M 미만 또는 1×10^{-11} M 미만, 또는 1×10^{-12} M 미만일 수 있다.
- [0174] [172] 야생형 또는 비변형 CD80 서열이 반드시 본 명세서에 개시된 변이체 CD80 폴리펩타이드 제조를 위한 출발 조성물로서 사용될 필요는 없다. 그러므로, "치환"이라는 용어의 사용은 제공된 구체예가 변이체 CD80 폴리펩타이드의 특정 제조방법으로 한정됨을 시사하는 것은 아니다. 변이체 CD80 폴리펩타이드는 예를 들어, 드 노보 펩타이드 합성에 의해 만들어질 수 있고 따라서 그 치환을 인코딩하기 위해 코돈을 변경시키는 의미의 "치환"이 반드시 요구되지 않는다. 이 원리는 아미노산 잔기의 "부가" 및 "결실" 등의 용어에도 적용되며 마찬가지로 특정 제조 방법을 시사하는 것이 아니다. 변이체 CD80 폴리펩타이드가 설계 또는 생성되는 수단은 어떤 특정한 방법으로 한정되지 않는다. 그러나 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 CD80 인코딩 핵산은 야생형 또는 비변형 CD80 유전자 물질로부터 돌연변이되어 본 명세서의 실시예에 개시된 방법 또는 통상의 기술자에게 알려지 기타 방법에 따라 소망되는 특이적 결합 친화성 및/또는 IFN-감마 발현 또는 기타 활성의 유도에 대해 스크리닝된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 임의의 수의 공개적으로 이용 가능한 데이터베이스에서 이용 가능한 단백질 또는 핵산 서열을 이용하여 새롭게 합성된 다음 스크리닝된다. National Center for Biotechnology Information은 그러한 정보를 제공하며, 그의 웹 사이트는 이전에 논의된 UniProtKB 데이터베이스와 마찬가지로 인터넷을 통해 공개적으로 액세스할 수 있다.
- [0175] [173] 달리 언급되지 않는 한, 본 명세서의 전 개시를 통해 나타난 바와 같이, 아미노산 치환(들)은 SEQ ID NO:28에 제시된 비변형 ECD 서열 또는, 적용가능한 경우, SEQ ID NO:152 또는 372 (어노테이션 규칙에 따라 SEQ ID NO:28의 잔기 1-101 또는 1-107을 각각 함유함)에 제시된 비변형 IgV 서열의 위치 넘버링에 상응하는 아미노산 위치 번호에 의해 다음과 같이 지정된다:
- [0176] VIHVTKEVKEVATLSCGHNVSEELAQTRIYWQKEKKMVLTMMSGDMNIWPEYKNRTIFDITNNLSIVILALRPSDEGTYECVVLKYEKDAFKREHLAEVTL SVKADFPTPSISDFEIPTSNIRRIICSTSGGFPEPHLSWLENGEELNAINTTVSQDPETELYAVSSKLDNFNMTNHSFMCLIKYGHILRVNQTFNWNWTTKQEH FPDN (SEQ ID NO:28)
- [0177] VIHVTKEVKEVATLSCGHNVSEELAQTRIYWQKEKKMVLTMMSGDMNIWPEYKNRTIFDITNNLSIVILALRPSDEGTYECVVLKYEKDAFKREHLAEVT (SEQ ID NO:152)
- [0178] VIHVTKEVKEVATLSCGHNVSEELAQTRIYWQKEKKMVLTMMSGDMNIWPEYKNRTIFDITNNLSIVIQLRPSDEGTYECVVLKYEKDGFKREHLAEVTL SVKAD (SEQ ID NO:372)
- [0179] [174] 레퍼런스 서열을 SEQ ID NO:28 또는 SEQ ID NO:152 또는 SEQ ID NO:372과 정렬시키는 등에 의해, 그의 IgSF 도메인 (예컨대 IgV)을 함유하는 그의 단편을 비롯하여, CD80 폴리펩타이드에서의 예컨대 아미노산 치환과 같은 변형에 상응하는 위치를 동정하는 것은 통상의 기술자의 기술 수준 범위 내이다. 본 명세서 전반에 걸쳐 변형 목록에서, 아미노산 위치는 중간에, 대응하는 비변형(예컨대 야생형) 아미노산은 그 번호 앞에 그리고 동정된 변이체 아미노산 치환은 그 번호 뒤에 위치한다. 만일 변형이 해당 위치의 결실이면 "del"로 표시되고 변형이 그 위치에서의 삽입이면 "ins"로 표시된다.
- [0180] [175] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 서열 내에 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)은 야생형 또는 비변형 CD80 서열의 엑토도메인 (세포외 도메인), 예컨대 세포외 도메인에서 일어날 수 있다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)은 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편에 존재한다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)은 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편에 존재한다. 변이체 CD80 폴리펩타이드의 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)의 일부는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합

단편에서, 그리고 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)의 일부는 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편에서 일어난다.

[0181] [176] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 최대 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 또는 20 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 변형 (예컨대, 치환)은 IgV 도메인 또는 IgC 도메인에 존재할 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 최대 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 또는 20 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편 내에 가질 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 최대 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 또는 20 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편 내에 가질 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372의 아미노산 서열과 같은, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드 또는 그의 특이적 결합 단편에 대해 적어도 약 85%, 86%, 86%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 갖는다.

[0182] [177] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 4, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 24, 25, 27, 28, 29, 30, 31, 33, 36, 37, 38, 40, 41, 42, 43, 44, 47, 48, 50, 52, 53, 54, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 72, 74, 76, 77, 80, 81, 83, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 99, 102, 103, 104, 107, 108, 109, 110, 114, 115, 116, 117, 118, 120, 121, 122, 126, 127, 128, 129, 130, 133, 137, 140, 142, 143, 144, 148, 149, 152, 154, 160, 162, 164, 168, 169, 174, 175, 177, 178, 183, 178, 185, 188, 190, 192, 193, 또는 199에 대응하는 위치에서 비변형 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편 중 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 이러한 변이체 CD80 폴리펩타이드들은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 하나 이상에 대해 변경된 결합 친화성을 나타낸다. 예컨대, 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 나타낸다.

[0183] [178] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 V4M, K9E, E10R, V11S, A12G, A12T, A12V, T13N, L14A, S15V, S15F, C16S, C16G, C16L, G17W, H18L, H18R, H18Y, V20L, S21P, V22A, E24G, L25P, Q27R, T28A, T28S, R29C, R29D, R29H, R29V, I30V, Y31F, Y31H, Y31L, Q33H, K36E, K36G, K37E, K37Q, M38I, M38L, M38T, M38V, L40M, T41A, T41G, T41D, T41I, M42T, M43I, M43Q, M43R, M43V, S44P, M47T, N48D, N48I, W50G, E52G, Y53C, K54M, F59L, F59S, D60V, I61N, T62S, N63S, N64S, L65H, S66H, I67F, I67T, V68A, V68M, I69T, L70Q, L70P, L70R, L72P, P74L, D76G, E77G, E77K, Y80N, E81A, E81R, E81V, V83A, V83I, L85I, L85R, K86E, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90L, D90N, A91E, A91G, A91S, A91T, F92L, F92N, F92P, F92Y, K93I, K93E, K93Q, K93R, K93V, R94G, R94L, R94F, E95K, H96R, L97R, E99D, E99G, L102S, S103L, S103P, V104A, V104L, D107N, F108L, P109S, P109H, T110A, S114T, D115G, F116S, F116L, E117V, E117G, I118V, I118A, I118T, T120S, S121P, N122S, I126L, I126V, I127T, C128Y, C128R, S129L, S129P, T130A, G133D, P137L, S140T, L142S, E143G, N144D, N144S, L148S, N149D, N149S, N152T, T154I, T154A, E160G, E162G, Y164H, S168G, K169E, K169I, K169S, M174T, M174V, T175A, N177S, H178R, L183H, K185E, H188D, H188Q, R190S, N192D, Q193L, 또는 T199S로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 V4M, K9E, E10R, V11S, A12G, A12T, A12V, T13N, L14A, S15V, S15F, C16S, C16G, C16L, G17W, H18L, H18R, H18Y, V20L, S21P, V22A, E24G, L25P, Q27R, T28A, T28S, R29C, R29D, R29H, R29V, I30V, Y31F, Y31H, Y31L, Q33H, K36E, K36G, K37E, K37Q, M38I, M38L, M38T, M38V, L40M, T41A, T41G, T41D, T41I, M42T, M43I, M43Q, M43R, M43V, S44P, M47T, N48D, N48I, W50G, E52G, Y53C, K54M, F59L, F59S, D60V, I61N, T62S, N63S, N64S, L65H, S66H, I67F, I67T, V68A, V68M, I69T, L70Q, L70P, L70R, L72P, P74L, D76G, E77G, E77K, Y80N, E81A, E81R, E81V, V83A, V83I, L85I, L85R, K86E, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90L, D90N, A91E, A91G, A91S, A91T, F92L, F92N, F92P, F92Y, K93I, K93E, K93Q, K93R, K93V, R94G, R94L, R94F, E95K, H96R, L97R, E99D, E99G, L102S, S103L, S103P, V104A, V104L, D107N, F108L, P109S, P109H, T110A, S114T, D115G, F116S, F116L, E117V, E117G, I118V, I118A, I118T, T120S, S121P, N122S, I126L, I126V, I127T, C128Y, C128R, S129L, S129P, T130A, G133D, P137L, S140T, L142S, E143G, N144D, N144S, L148S, N149D, N149S, N152T, T154I, T154A, E160G, E162G, Y164H, S168G, K169E, K169I, K169S, M174T, M174V, T175A, N177S, H178R, L183H, K185E, H188D, H188Q, R190S, N192D, Q193L, T199S로 이루어진 군으로부터 선택된 하나

이상의 아미노산 치환 또는 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다.

[0184]

[179] 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형, 예컨대 치환은, L70Q/A91G, L70Q/A91G/T130A, L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A, V4M/L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/T120S/T130A, V20L/L70Q/A91S/T120S/T130A, S44P/L70Q/A91G/T130A, L70Q/A91G/E117G/T120S/T130A, A91G/T120S/T130A, L70R/A91G/T120S/T130A, L70Q/E81A/A91G/T120S/I127T/T130A, L70Q/Y87N/A91G/T130A, T28S/L70Q/A91G/E95K/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, K36E/I67T/L70Q/A91G/T120S/T130A/N152T, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, K37E/F59S/L70Q/A91G/T120S/T130A, A91G/S103P, K89E/T130A, D60V/A91G/T120S/T130A, K54M/A91G/T120S, M38T/L70Q/E77G/A91G/T120S/T130A/N152T, R29H/E52G/L70R/E88G/A91G/T130A, Y31H/T41G/L70Q/A91G/T120S/T130A, V68A/T110A, S66H/D90G/T110A/F116L, R29H/E52G/T120S/T130A, A91G/L102S, I67T/L70Q/A91G/T120S, L70Q/A91G/T110A/T120S/T130A, M38V/T41D/M43I/W50G/D76G/V83A/K89E/T120S/T130A, V22A/L70Q/S121P, A12V/S15F/Y31H/T41G/T130A/P137L/N152T, I67F/L70R/E88G/A91G/T120S/T130A, E24G/L25P/L70Q/T120S, A91G/F92L/F108L/T120S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, E24G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/H96R/N149S/C182S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29V/M43Q/E81R/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G, T41I/A91G, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K36G/K37Q/M38I/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99G/T130A/N149S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K36G/K37Q/M38I/L40M, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, R29V/Y31F/K36G/M38L/M43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G, V68M/L70P/L72P/K86E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/M174T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D, H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/E143G/K169E/M174V/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/T120S/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/C128Y/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/K169E, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93I/R94L/L97R/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93I/R94L/L97R/T130A/L148S,

H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/T120S/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/F92P/K93V/R94F/I118V/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/T175A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F116S/T130A/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/L142S/H188D,
C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/T120S/I127T/T130A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/S103L/T120S/I127T/T130A,
DELTAQ33/Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E,
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/S129L/H188D,
K9E/E10R/V11S/A12G/T13N/K14A/S15V/C16L/G17W/H18Y/Y53C/L70Q/D90G/T130A/N149D/N152T/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D,
K89E/K93E/T130A,
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/P109H/I126L/K169I,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R,
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/D90N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/E162G,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/R190S,
C16G/V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/D76G/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K169I/H178R/N192D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H188Q,
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118T/T130A/N149S/K169I,
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A/G133D/N149S,
S129P,
A91G/S129P,
I69T/L70Q/A91G/T120S,
Y31H/S129P,
T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/V104L/T130A/N149S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/T154I,
A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/T130A/L183H,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K169S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q193L,
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I,
I118T/C128R,
Q27R/R29C/M42T/S129P/E160G,
S129P/T154A,
S21P/L70Q/D90G/T120S/T130A,
L70Q/A91G/N144D,
L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A/K169E,
V4M/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E,
L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E,
L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A,
V20L/L70Q/A91S/I118V/T120S/T130A,
L70Q/A91G/E117G/I118V/T120S/T130A,
A91G/I118V/T120S/T130A,
L70R/A91G/I118V/T120S/T130A/T199S,
L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A,
T28S/L70Q/A91G/E95K/I118V/T120S/I126V/T130A/K169E,

N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A,
 E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E,
 D60V/A91G/I118V/T120S/T130AK169E,
 M38T/L70Q/E77G/A91G/I118V/T120S/T130A/N152T,
 L65H/D90G/T110A/F116L,
 L70Q/A91G/T110A/I118V/T120S/T130A,
 A12V/S15F/Y31H/M38L/T41G/M43L/D90N/T130A/P137L/N149D/N152T,
 E24G/L25P/L70Q/A91G/I118V/T120S/N152T,
 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S,
 K36G/K37Q/M38I/L40M/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99G/T130A/N149S,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A,
 H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/M174T,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48D/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D,
 H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/H188D,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/E143G/K169E/M174V/H188D,
 R29D/I30V/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E/H188D,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/I118V/T120S/T130A/K169E/H188D,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/N149D/K169E/H188D,
 H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/H188D,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/C128Y/T130A/H188D,
 H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99D/T130A,
 H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/I118V/T120S/I126V/T130A,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118V/T120S/T130A,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/T175A,
 H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/L142S/H188D,
 C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/I118V/H188D,
 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D,

R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/S103L/I118V/T120S/I127T/T130A,
Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E,
Y53C/L70Q/D90G/T130A/N149D/N152T/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S
이다.

[0185] **[180]** 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 비변형 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편 내 대응하는 위치(들) 4, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 24, 25, 27, 28, 29, 31, 33, 36, 37, 38, 40, 41, 42, 43, 44, 47, 48, 50, 52, 53, 54, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 66, 67, 68, 69, 70, 72, 74, 76, 77, 80, 81, 83, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 99, 102, 103, 104, 108, 109, 110, 115, 116, 117, 118, 120, 121, 122, 126, 127, 128, 129, 130, 133, 137, 140, 142, 143, 144, 148, 149, 152, 154, 160, 162, 168, 169, 174, 175, 177, 178, 183, 178, 188, 190, 192, 또는 193에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 이러한 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4 중 하나 이상에 대해 변경된 결합 친화성을 나타낸다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 증가된 결합 친화성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28, PD-L1, 및/또는 CTLA-4에 대해 감소된 결합 친화성을 나타낸다.

[0186] **[181]** 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 V4M, K9E, E10R, V11S, A12G, A12T, A12V, T13N, L14A, S15V, S15F, C16S, C16G, C16L, G17W, H18L, H18R, H18Y, V20L, S21P, V22A, E24G, L25P, Q27R, T28A, T28S, R29C, R29D, R29H, R29V, Y31F, Y31H, Y31L, Q33H, K36E, K36G, K37E, K37Q, M38I, M38L, M38T, M38V, L40M, T41A, T41G, T41D, T41I, M42T, M43I, M43Q, M43R, M43V, S44P, M47T, N48I, W50G, E52G, Y53C, K54M, F59L, F59S, D60V, I61N, T62S, N63S, N64S, S66H, I67F, I67T, V68A, V68M, I69T, L70Q, L70P, L70R, L72P, P74L, D76G, E77G, E77K, Y80N, E81A, E81R, E81V, V83A, V83I, L85I, L85R, K86E, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90L, D90N, A91E, A91G, A91S, A91T, F92L, F92N, F92P, F92Y, K93I, K93E, K93Q, K93R, K93V, R94G, R94L, R94F, E95K, H96R, L97R, E99G, L102S, S103L, S103P, V104A, V104L, F108L, P109S, P109H, T110A, D115G, F116S, F116L, E117V, E117G, I118V, I118A, I118T, T120S, S121P, N122S, I126L, I127T, C128Y, C128R, S129L, S129P, T130A, G133D, P137L, S140T, L142S, E143G, N144S, L148S, N149D, N149S, N152T, T154I, T154A, E160G, E162G, S168G, K169E, K169I, K169S, M174T, M174V, T175A, N177S, H178R, L183H, H188D, H188Q, R190S, N192D, Q193L,로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 V4M, K9E, E10R, V11S, A12G, A12T, A12V, T13N, L14A, S15V, S15F, C16S, C16G, C16L, G17W, H18L, H18R, H18Y, V20L, S21P, V22A, E24G, L25P, Q27R, T28A, T28S, R29C, R29D, R29H, R29V, Y31F, Y31H, Y31L, Q33H, K36E, K36G, K37E, K37Q, M38I, M38L, M38T, M38V, L40M, T41A, T41G, T41D, T41I, M42T, M43I, M43Q, M43R, M43V, S44P, M47T, N48I, W50G, E52G, Y53C, K54M, F59L, F59S, D60V, I61N, T62S, N63S, N64S, S66H, I67F, I67T, V68A, V68M, I69T, L70Q, L70P, L70R, L72P, P74L, D76G, E77G, E77K, Y80N, E81A, E81R, E81V, V83A, V83I, L85I, L85R, K86E, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90L, D90N, A91E, A91G, A91S, A91T, F92L, F92N, F92P, F92Y, K93I, K93E, K93Q, K93R, K93V, R94G, R94L, R94F, E95K, H96R, L97R, E99G, L102S, S103L, S103P, V104A, V104L, F108L, P109S, P109H, T110A, D115G, F116S, F116L, E117V, E117G, I118V, I118A, I118T, T120S, S121P, N122S, I126L, I127T, C128Y, C128R, S129L, S129P, T130A, G133D, P137L, S140T, L142S, E143G, N144S, L148S, N149D, N149S, N152T, T154I, T154A, E160G, E162G, S168G, K169E, K169I, K169S, M174T, M174V, T175A, H178R, H178R, L183H, H188D, H188Q, R190S, N192D, Q193L로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 또는 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다.

[0187] **[182]** 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편 내에서 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 30, 65, 107, 114, 164, 185, 또는 199에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 I30V, N48D, L65H, E99D, D107N, S114T, I126V, N144D, Y164H, 및 T199S로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 N48D, L65H, E99D, D107N, S114T, I126V, N144D, Y164H, K185E, T199S로

이루어진 군으로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환, 또는 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다.

- [0188] [183] 보존적 아미노산 치환은 야생형 또는 비변형 아미노산 이외의 치환된 아미노산과 동일한 클래스의 아미노산에 속하는 임의의 아미노산이다. 아미노산 클래스로는 지방족 (글리신, 알라닌, 발린, 류신, 및 이소류신), 히드록실 또는 황-함유 (세린, 시스테인, 트레오닌, 및 메티오닌), 시클릭 (프롤린), 방향족 (페닐알라닌, 티로신, 트립토판), 염기성 (히스티딘, 리신, 및 아르기닌), 및 산성/아미드 (아스파테이트, 글루타메이트, 아스파라긴, 및 글루타민)을 들 수 있다. 그러므로, 예를 들어, V4M 치환의 보존적 아미노산 치환에는 V4S, V4C, 및 V4T 아미노산 치환이 포함된다.
- [0189] [184] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 표 1에 수록된 임의의 치환(돌연변이)을 포함한다. 표 1은 또한 야생형 CD80 또는 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드의 세포외 도메인 (ECD) 또는 IgV 도메인에 대한 예시적인 서열을 SEQ ID NO를 참조로 제공한다. 나타난 바와 같이, 표시된 바와 같이, 주어진 도메인에 상응하는 정확한 위치 또는 잔기는 도메인 식별 또는 분류에 사용된 방법에 따라 달라질 수 있다. 또한, 일부 사례에서, 소정의 도메인 (예를 들어, IgV)의 인접한 N-및/또는 C-말단 아미노산은 또한 발현시 도메인의 적절한 폴딩을 보장하기 위해 변이체 IgSF 폴리펩타이드의 서열에 포함될 수 있다. 따라서, 표 1의 SEQ ID NO의 예시는 제한적인 것으로 해석되어서는 아니된다. 예를 들어, 변이체 CD80 폴리펩타이드의 IgV 도메인과 같은 특정 도메인은 각 SEQ ID NO에 제시된 아미노산 서열에 비해, 수 개의 아미노산, 예컨대 1-10, 예컨대 1 개, 2 개, 3 개, 4 개, 5 개, 6 개 또는 7 개의 아미노산 길이만큼 길거나 짧을 수 있다.
- [0190] [185] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 표 1에 수록된 세포외 도메인 (ECD) 서열들 중 어느 하나 (즉, SEQ ID NOS: 55-108, 280-346, 414-475 중 어느 하나)를 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 표 1에 수록된 세포외 도메인 (ECD) 서열들 중 어느 하나 (즉, SEQ ID NOS: 55-108, 280-346, 414-475 중 어느 하나)에 대해 적어도 90% 동일성, 적어도 91% 동일성, 적어도 92% 동일성, 적어도 93% 동일성, 적어도 94% 동일성, 적어도 95% 동일성, 예컨대 적어도 96% 동일성, 97% 동일성, 98% 동일성, 또는 99% 동일성을 나타내고 야생형 또는 비변형 CD80에는 존재하지 않는 아미노산 변형(들), 예컨대 치환(들)을 함유하는 폴리펩타이드 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 표 1에 수록된 세포외 도메인 (ECD) 서열 중 어느 하나 (즉, SEQ ID NOS: 55-108, 280-346, 414-475 중 어느 하나)의 특이적 결합 단편을 포함하고 야생형 또는 비변형 CD80에는 존재하지 않는 아미노산 변형(들), 예컨대 치환(들)을 함유한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 표 1에 수록된 IgV 서열 중 어느 하나 (즉, SEQ ID NOS: 153-195, 347, 373-386, 476-477 중 어느 하나)를 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 표 1에 수록된 IgV 서열 중 어느 하나 (즉, SEQ ID NOS: 153-195, 347, 373-386, 476-477 중 어느 하나)에 대해 적어도 90% 동일성, 적어도 91% 동일성, 적어도 92% 동일성, 적어도 93% 동일성, 적어도 94% 동일성, 적어도 95% 동일성, 예컨대 적어도 96% 동일성, 97% 동일성, 98% 동일성, 또는 99% 동일성을 나타내고, 야생형 또는 비변형 CD80에는 존재하지 않는 아미노산 변형(들), 예컨대, 치환(들)을 함유하는 폴리펩타이드 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 표 1에 수록된 IgV 서열 중 어느 하나 (즉, SEQ ID NOS: 153-195, 347, 373-386, 476-477 중 어느 하나)의 특이적 결합 단편을 포함하고 야생형 또는 비변형 CD80에는 존재하지 않는 아미노산 변형(들), 예컨대, 치환(들)을 함유한다..
- [0191] [186] 표 1은 또한 야생형 CD80 또는 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드의 세포외 도메인 (ECD) 또는 IgV 도메인에 대한 예시적인 서열을 SEQ ID NO를 참조로 제공한다. 나타난 바와 같이, 표시된 바와 같이, 주어진 도메인에 상응하는 정확한 위치 또는 잔기는 도메인 식별 또는 분류에 사용된 방법에 따라 달라질 수 있다. 또한, 일부 사례에서, 소정의 도메인 (예를 들어, ECD)의 인접한 N-및/또는 C-말단 아미노산은 또한 발현시 도메인의 적절한 폴딩을 보장하기 위해 변이체 IgSF 폴리펩타이드의 서열에 포함될 수 있다. 따라서, 표 1의 SEQ ID NO의 예시는 제한적인 것으로 해석되어서는 아니된다. 예를 들어, 변이체 CD80 폴리펩타이드의 IgV 도메인과 같은 특정 도메인은 각 SEQ ID NO에 제시된 아미노산 서열에 비해, 수 개의 아미노산, 예컨대 1-10, 예컨대 1 개, 2 개, 3 개, 4 개, 5 개, 6 개 또는 7 개의 아미노산 길이만큼 길거나 짧을 수 있다.

표 1: 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드들		
돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
Wild-type	28	152, 372
L70Q/A91G	55	153, 374
L70Q/A91G/T130A	56	
L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A	57	
V4M/L70Q/A91G/T120S/T130A	58	154
L70Q/A91G/T120S/T130A	59	
V20L/L70Q/A91S/T120S/T130A	60	155
S44P/L70Q/A91G/T130A	61	156
L70Q/A91G/E117G/T120S/T130A	62	
A91G/T120S/T130A	63	157
L70R/A91G/T120S/T130A	64	158
L70Q/E81A/A91G/T120S/I127T/T130A	65	159
L70Q/Y87N/A91G/T130A	66	160
T28S/L70Q/A91G/E95K/T120S/T130A	67	161
N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A	68	162
K36E/I67T/L70Q/A91G/T120S/T130A/N152T	69	163
E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A	70	164
K37E/F59S/L70Q/A91G/T120S/T130A	71	165
A91G/S103P	72	378
K89E/T130A	73	166, 385
A91G	74	154, 375
D60V/A91G/T120S/T130A	75	167
K54M/A91G/T120S	76	168
M38T/L70Q/E77G/A91G/T120S/T130A/N152T	77	169
R29H/E52G/L70R/E88G/A91G/T130A	78	170
Y31H/T41G/L70Q/A91G/T120S/T130A	79	171
V68A/T110A	80	172
S66H/D90G/T110A/F116L	81	173
R29H/E52G/T120S/T130A	82	174
A91G/L102S	83	386
I67T/L70Q/A91G/T120S	84	175
L70Q/A91G/T110A/T120S/T130A	85	
M38V/T41D/M43I/W50G/D76G/V83A/K89E/T120S/T130A	86	176
V22A/L70Q/S121P	87	177
A12V/S15F/Y31H/T41G/T130A/P137L/N152T	88	178
I67F/L70R/E88G/A91G/T120S/T130A	89	179
E24G/L25P/L70Q/T120S	90	180
A91G/F92L/F108L/T120S	91	181
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S	92	182
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/	93	

[0192]

표 1: 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드들		
돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S		
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S	94	183
E24G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/H96R/N149S/C182S	95	184
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/N149S	96	
R29V/M43Q/E81R/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G	97	185, 376
T41I/A91G	98	186, 377
K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S	99	
K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	100	187, 373
K36G/K37Q/M38I/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E9 9G/T130A/N149S	101	188
E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	102	189, 379
K36G/K37Q/M38I/L40M	103	190, 380
K36G	104	191, 381
R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	105	192
A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	106	193
R29V/Y31F/K36G/M38L/M43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/D90L/A91E/F9 2N/K93Q/R94G	107	194, 382
V68M/L70P/L72P/K86E	108	195, 383
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E	280	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A	281	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E	282	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/M174T	283	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D	284	
H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/ E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E/H188 D	285	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/E143G/K169E/M1 74V/H188D	286	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A	287	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D	288	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E	289	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A	290	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L85R/K89N/A91T/ F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E/H188D	291	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/	292	

[0193]

표 1: 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드들		
돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/T120S/T130A/K169E/H188D		
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/H188D	293	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E	294	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E/H188D	295	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/C128Y/T130A/H188D	296	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/K169E	297	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A	298	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E	299	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/T130A	300	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/T130A/L148S	301	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E	302	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K 89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/T120S/T130A	303	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ F92P/K93V/R94F/I118V/T130A	304	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/T62S/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/T175A	305	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F116S/T130A/H188D	306	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/L142S/H188D	307	
C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/H188D	308	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/T120S/I127T /T130A/H188D	309	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/ S103L/T120S/I127T/T130A	310	
DELTAQ33/Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/ T130A/K169E	311	
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E	312	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/S129L/H188D	313	
K9E/E10R/V11S/A12G/T13N/K14A/S15V/C16L/G17W/H18Y/Y53C/L 70Q/ D90G/T130A/N149D/N152T/H188D	314	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D	315	
K89E/K93E/T130A	316	
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/	317	

[0194]

표 1: 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드들

돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/P109H/I126L/ K169I		
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/ P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R	318	347, 384
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E 81V/L85R/K89N/D90N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/E162G	319	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A	320	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S	321	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/ E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/ T130A/R190S	322	
C16G/V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M /D76G/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T /N149S/K169I/H178R/N192D	323	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H188Q	324	
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A	325	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/ I118T/T130A/N149S/K169I	326	
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A/G133D/N14 9S	327	
S129P	328	
A91G/S129P	329	
I69T/L70Q/A91G/T120S	330	
Y31H/S129P	331	
T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/ V104L/T130A/N149S	332	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q	333	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S	334	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/ T130A/N149S/T154I	335	
A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/ L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/ L97R/T130A/L183H	336	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K169S	337	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q193L	338	
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/ I118T/T130A/N149S	339	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S	340	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I	341	

[0195]

표 1: 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드들		
돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I	342	
I118T/C128R	343	
Q27R/R29C/M42T/S129P/E160G	344	
S129P/T154A	345	
S21P/L70Q/D90G/T120S/T130A	346	
L70Q/A91G/N144D	414	
L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A/K169E	415	
V4M/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E	416	
L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E	417	
L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A	418	
V20L/L70Q/A91S/I118V/T120S/T130A	419	
L70Q/A91G/E117G/I118V/T120S/T130A	420	
A91G/I118V/T120S/T130A	421	
L70R/A91G/I118V/T120S/T130A/T199S	422	
L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A	423	
T28S/L70Q/A91G/E95K/I118V/T120S/I126V/T130A/K169E	424	
N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A	425	
K36E/I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/N152T	426	
E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E	427	
K37E/F59S/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K185E	428	
D60V/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E	429	
K54M/L70Q/A91G/Y164H/T120S	430	
M38T/L70Q/E77G/A91G/I118V/T120S/T130A/N152T	431	
Y31H/T41G/M43L/L70Q/A91G/I118V/T120S/I126V/T130A	432	
L65H/D90G/T110A/F116L	433	
R29H/E52G/D90N/I118V/T120S/T130A	434	
I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S	436	
L70Q/A91G/T110A/I118V/T120S/T130A	437	
M38V/T41D/M43I/W50G/D76G/V83A/K89E/I118V/T120S/I126V/T130A	438	
A12V/S15F/Y31H/M38L/T41G/M43L/D90N/T130A/P137L/N149D/N152T	439	
I67F/L70R/E88G/A91G/I118V/T120S/T130A	440	
E24G/L25P/L70Q/A91G/I118V/T120S/N152T	441	
A91G/F92L/F108L/I118V/T120S	442	
E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S	443	
K36G/K37Q/M38I/L40M/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99G/T130A/N149S	444	
K36G/L40M	445	476, 477
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E	446	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A	447	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E	448	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/M174T	449	

[0196]

표 1: 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드들

돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48D/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D	450	
H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/H188D	451	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/E143G/K169E/M174V/H188D	452	
R29D/I30V/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D	453	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D	454	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E	455	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A	456	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E/H188D	457	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/I118V/T120S/T130A/K169E/H188D	458	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/N149D/K169E/H188D	459	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/H188D	460	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/C128Y/T130A/H188D	461	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99D/T130A	462	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E	463	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/I118V/T120S/I126V/T130A	464	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118V/T120S/T130A	465	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/T175A	466	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/L142S/H188D	467	
C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/I118V/H188D	468	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D	469	
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/S103L/I118V/T120S/I127T/T130A	470	
Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E	471	
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E	472	
Y53C/L70Q/D90G/T130A/N149D/N152T/H188D	473	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D	474	
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S	475	

[0197]

[0198]

[187] 일부 구체예에서 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 대응하는 위치(들) 12, 18, 20, 29, 31, 36, 40, 41, 43, 52, 59, 60, 63, 67, 70, 77, 81, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 109, 114, 117, 118, 120, 122, 127, 130, 144, 169, 178 또는 199에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 A12T, H18L, V20L, R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, T41I, M43V, E52G, F59L, D60V, N63S, I67T, L70Q, L70R, E77K, E81A, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, A91G, A91S, F92Y, K93R, D107N, P109S, S114T, E117G, I118A, I118T, I118V, T120S, I127T, T130A, N144D, K169E, H178R, 또는 T199S로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 A12T, H18L, V20L, R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, T41I, M43V, E52G, F59L, D60V, N63S, I67T, L70Q, L70R, E77K, E81A, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, A91G, A91S, F92Y, K93R, D107N, P109S, S114T, E117G, I118A, I118T, I118V, T120S, I127T, T130A, N144D, K169E, H178R, 또는 T199S로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환 또는 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, V20L/L70Q/A91S/T120S/T130A, V20L/L70Q/A91S/I118V/T120S/T130A, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, T41I/A91G, E52G/L70/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, D60V/A91G/T120S/T130A,

D60V/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, L70Q/E81A/A91G/T120S/I127T/T130A, L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A, L70Q/Y87N/A91G/T130A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/E117G/T120S/T130A, L70Q/A91G/E117G/I118V/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, L70R/A91G/T120S/T130A, L70R/A91G/I118V/T120S/T130A/T199S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S 이다. 일부 구체예에서, CD80 폴리펩타이드는 예컨대 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, 증가된 친화성 for the CD28의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성 및/또는 CD28에 대해 증가된 선택성을 나타낸다.

[0199]

[188] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 위치(들) 12, 18, 21, 22, 28, 29, 31, 33, 36, 38, 40, 41, 42, 43, 47, 48, 59, 64, 67, 68, 70, 77, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 97, 104, 109, 115, 117, 118, 120, 122, 126, 130, 133, 140, 144, 148, 149, 168, 169, 177, 183, 188 또는 193에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 A12G, A12T, H18L, S21P, V22A, T28A, R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, L40M, T41A, T41G, M42T, M43R, M43V, M47T, N48I, F59L, N64S, I67T, V68A, V68M, L70Q, E77K, E81V, L85R, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90N, A91G, A91T, F92P, F92Y, K93R, K93V, R94F, R94L, L97R, V104L, P109H, P109S, D115G, E117V, I118T, I118V, T120S, N122S, I126L, T130A, G133D, S140T, N144S, L148S, N149S, S168G, K169I, K169S, N177S, L183H, H188Q, R190S 및 Q193L로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 A12T, H18L, R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, L40M, T41A, T41G, M42T, M43R, M43V, M47T, F59L, I67T, L70Q, E77K, E81V, L85R, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90N, A91G, A91T, F92P, F92Y, K93R, K93V, R94L, P109S, I118T, I118V, T120S, N122S, N144S, L148S, N149S, 및 N178S로 이루어진 군으로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다.

[0200]

[189] 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H188Q, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118T/T130A/N149S/K169I, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A/G133D/N149S, T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/V104L/T130A/N149S, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q, K89E/T130A, K89E/K93E/T130A, S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/S21P/N48I/V68A/P109H/I126L/K169I, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S, A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/

L97R/T130A/L183H,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K169S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q193L,
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I, 또는 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I 이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, PD-L1에 대해 증가된 친화성 및/또는 PD-L1에 대해 증가된 선택성을 나타낸다.

[0201] [190] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 12, 18, 36, 40, 43, 59, 77, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 109, 118, 122, 또는 177에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 A12T, H18L, K36G, M43V, F59L, E77K, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118T, N112S, 및 N177S로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 A12T, H18L, K36G, L40M, M43V, F59L, E77K, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118T, N112S, 및 N177S로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 돌연변이를 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, K36G, K36G/L40M, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S 이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28의 엑토도메인 및 PD-L1의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성을 나타낸다.

[0202] [191] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 4, 29, 31, 36, 40, 41, 52, 67, 68, 70, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 109, 110, 118, 120, 130, 144, 또는 169에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 V4M, R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, E52G, I67T, V68A, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, A91G, F92Y, K93R, D107N, P109S, T110A, I118V, T120S, T130A, N144D, 및 K169E로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 V4M, R29H, Y31H, K36G, L40M, T41I, T41G, E52G, I67T, I69T, V68A, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, A91G, F92Y, K93R, D107N, P109S, T110A, I118V, T120S, T130A, N144D, 및 K169E로 이루어진 군으로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M/L70Q/A91G/T120S/T130A, V4M/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, T41I/A91G, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, V68A/T110A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/T130A, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G/I118V/T120S/T130A, A91G/T120S/T130A 또는 I69T/L70Q/A91G/T120S이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, CTLA-4의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성 및/또는 증가된 선택성을 나타낸다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 36, 40, 52, 70, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 118, 120, 130, 144, 또는 169에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 K36G, L40M, E52G, L70Q, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, D107N, I118V, T120S, T130A, N144D, 및 K169E로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 K36G, L40M, E52G, L70Q, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, D107N, I118V, T120S, T130A, N144D, and K169E로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, K36G/L40M, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/T120S/T130A,

L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E,E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28의 엑토도메인 및 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성을 나타낸다.

[0203] [192] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 29, 31, 36, 40, 41, 67, 70, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 109, 118, 120, 122, 130, 또는 178에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형(예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, I67T, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90N, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118V, T120S로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, I67T, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90N, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118V, T120S로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 PD-L1의 엑토도메인 및 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성을 나타낸다.

[0204] [193] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 36, 40, 8889, 90, 91, 92, 또는 93에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형(예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 K36G, L40M, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, 및 K93R로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 K36G, L40M, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, K36G/L40M, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28의 엑토도메인, PD-L1의 엑토도메인 및 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성을 나타낸다..

[0205] [194] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 12, 18, 29, 31, 33, 36, 38, 40, 41, 42, 43, 47, 48, 63, 59, 64, 67, 68, 70, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 97, 104, 109, 114, 115, 117, 118, 120, 122, 126, 127, 130, 133, 140, 144, 148, 149, 168, 169, 177, 183, 188 또는 193에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형(예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 A12G, A12T, H18L, S21P, V22A, T28A, R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, LOM, T41A, T41G, M42T, M43R, M43V, M47T, N48I, F59L, N63S, N64S, I67T, V68A, V68M, L70Q, E77K, E81A, E81V, L85R, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, D90K, D90N, A91G, A91T, F92P, F92Y, K93R, K93V, R94F, R94L, L97R, S103L, S103P, V104L, P109H, P109S, D115G, E117V, I118T, S114T, I118V, T120S, N122S, I126L, I127T, T130A, G133D, S140T, N144S, L148S, N149S, S168G, K169I, K169S, N177S, L183H, H188Q, R190S 및 Q193L로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, T41G, M42T, M43R, M47T, N63S, I67T, L70Q, E81A, E81V, L85R, Y87N, E88G, K89E, K89N, D90N, A91G, A91T, F92P, K93V, R94L, P109S, S114T, I118V, I118T, T120S, I127T, T130A, N144S, L148S, 및 N149S로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, L70Q/Y87N/A91G/T120S/I127T/T130A이다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S,

R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H188Q, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118T/T130A/N149S/K169I, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A/G133D/N149S, T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/V104L/T130A/N149S, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q, K89E/T130A, K89E/K93E/T130A, S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/S21P/N48I/V68A/P109H/I126L/K169I, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S, A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/T130A/L183H, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K169S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q193L, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I, 또는 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28의 엑토도메인 또는 PD-L1의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성, 및 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 감소된 친화성을 나타낸다.

[0206]

[195] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 63, 70, 81, 87, 91, 114, 118, 120, 127, 또는 130에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 N63S, L70Q, E81A, Y87N, A91G, S114T, I118V, T120S, I127T, 및 T130A로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 N63S, L70Q, E81A, Y87N, A91G, S114T, I118V, T120S, I127T, 및 T130A로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, 또는 L70Q/Y87N/A91G/T120S/I127T/T130A이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은, 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, CD28의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성 및 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 감소된 친화성을 나타낸다.

[0207]

[196] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 12, 18, 29, 31, 33, 36, 38, 40, 41, 42, 43, 47, 48, 59, 64, 67, 68, 70, 77, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 97, 104, 109, 115, 117, 118, 120, 122, 126, 130, 133, 140, 144, 148, 149, 168, 169, 177, 183, 188 또는 193에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환)을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 A12G, A12T, H18L, S21P, V22A, T28A, R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, L40M, T41A, T41G, M42T, M43R, M47T, M43V, N48I, F59L, N64S, I67T, V68A, V68M, L70Q, E77K, E81V, L85R, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90N, A91G, A91T, F92P, F92Y, K93V, R94F, R94L, L97R, S103L, S103P, V104L, P109H, P109S, D115G, E117V, I118T, I118V, T120S, N122S, I126L, T130A, G133D, S140T, N144S, L148S, N149S, S168G,

K169I, K169S, N177S, L183H, H188Q, R190S 및 Q193L로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, T41G, M42T, M43R, M47T, I67T, L70Q, E81V, L85R, Y87N, E88G, K89E, K89N, D90N, A91G, A91T, F92P, K93V, R94L, P109S, I118T, I118V, T120S, N144S, L148S, 및 N149S로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, 또는 I67T/L70Q/A91G/T120S이다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H188Q, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118T/T130A/N149S/K169I, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A/G133D/N149S, T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/V104L/T130A/N149S, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q, K89E/T130A, K89E/K93E/T130A, S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/S21P/N48I/V68A/P109H/I126L/K169I, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S, A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/T130A/L183H, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K169S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q193L, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I, 또는 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, PD-L1의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성, 및 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 감소된 친화성을 나타낸다.

[0208]

[197] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28의 70, 81, 87, 91, 또는 120에 대응하는 위치(들)에서 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대, 치환). 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 L70Q, Y87N, A91G, 및 T120S로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 L70Q, Y87N, A91G, 및 T120S로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상의 아미노

산 치환, 및 그의 보존적 아미노산 치환을 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 152, 또는 372에 제시된 서열을 포함하는 것과 같은 야생형 또는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해, CD28의 엑토도메인 및 PD-L1의 엑토도메인에 대해 증가된 친화성, 및 CTLA-4의 엑토도메인에 대해 감소된 친화성을 나타낸다.

[0209] III. 변이체 폴리펩타이드의 포맷

[198] vIgD가 함유된 본 발명의 변이체 CD80을 포함하는 면역조절 폴리펩타이드는 가용성 단백질, 융합 또는 컨쥬게이트, 막 결합 단백질, 분비된 단백질로서 또는 감염 물질 내에서의 전달을 위해 다양한 방식으로 포맷될 수 있다. 일부 구체예에서, 특정 포맷은 소망되는 치료 용도에 따라 선택될 수 있다. 일부 경우에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 면역조절 폴리펩타이드는 그의 동족 결합 파트너, 예컨대 CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4의 활성을 길항 또는 차단하기 위한 포맷으로 제공된다. 일부 구체예에서, CTLA-4의 길항은 종양학에서 면역성을 증가시키는데 유용할 수 있다. 일부 구체예에서, CD28의 길항은 염증 또는 자가면역성을 치료하는데 유용할 수 있다. 일부 경우에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 면역조절 폴리펩타이드는 그의 동족 결합 파트너, 예컨대 CD28, PD-L1 및/또는 CTLA-4의 활성을 작용화(agonize) 또는 자극하는 포맷으로 제공된다. 일부 구체예에서, CTLA-4의 작용화(agonism)는 염증 또는 자가면역성을 치료하는데 유용할 수 있다. 일부 구체예에서, CD28의 작용화는 종양을 치료하는데 효과적인 수 있다. 통상의 기술자는 하나 이상의 특이적 동족 결합 파트너를 길항 또는 작용화하기 위한 것과 같은, 특정 포맷의 활성을 용이하게 구할 수 있다. 이러한 활성들을 평가하기 위한 예시적인 방법은 실시예를 비롯하여 본 명세서에 제공되어 있다.

[199] 일부 측면에서, 예컨대 Fc 사슬에 융합된, 그러한 단백질이 가용성인 CD80의 vIgD를 포함하는 면역조절 단백질이 제공된다. 일부 측면에서, 하나 이상의 부가적인 IgSF 도메인, 예컨대 하나 이상의 부가적인 vIgD가 본 발명에 제공된 CD80의 vIgD에 연결될 수 있다 (이하 "적층" 또는 "적층된" 면역조절 단백질이라 칭함). 일부 구체예에서, 제공된 면역조절 단백질의 모듈형 포맷은 다중 카운터구조물(다중 동족 결합 파트너)의 활성을 조절하기 위해 면역조절 단백질을 조작 또는 생성하기 위한 유연성을 제공한다. 일부 구체예에서, 이러한 "적층" 분자들은 가용성 포맷에서 제공되거나 또는 몇몇 사례에서, 막 결합된 또는 분비된 단백질로서 제공될 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 면역조절 단백질은 CD80의 vIgD가, 예를 들어 대상자에게 투여되는 경우처럼 vIgD를 특이적인 환경 또는 세포에 표적화 또는 국소화시키기 위해 리간드 예컨대 항원에 특이적으로 결합하는 표적화 물질 또는 모이어티 예컨대 항체 또는 기타 결합 분자에 직접 또는 간접적으로 연결되어 있는, 컨쥬게이트로서 제공된다. 일부 구체예에서, 표적화 물질, 예컨대 항체 또는 기타 결합 분자는 종양 항원에 결합함으로써, vIgD를 함유하는 변이체 CD80 을 종양 미세환경에 국소화시켜, 예를 들어, 종양 미세환경에 특이적인 종양 침윤 림프구(TIL)의 활성을 조절할 수 있다.

[200] 일부 구체예에서, 제공된 면역조절 단백질은 세포에서 발현되어 조작된 세포 치료법(ECT)의 일부로서 제공된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 면역 세포 (예컨대 T 세포 또는 항원 제시 세포) 등의 세포에서 막-결합 형태로서 발현됨으로써, 막관통 면역조절 단백질 (이하 "TIP"라 칭함)이 제공된다. 일부 구체예에서, TIP에 의해 인식되는 동족 결합 파트너에 따라, TIP 를 발현하는 조작된 세포들은 다른 조작된 세포 및/또는 내인성 T 세포에 양성 또는 음성 공동자극 시그널을 제공함으로써 동족 결합 파트너를 인식할 수 있다. 일부 측면에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 세포, 예를 들어 면역 세포 (예컨대 T 세포 또는 항원 제시 세포)에서 분비가능한 형태로 발현됨으로써 예컨대 세포가 대상자에게 투여될 때, 변이체 CD80 폴리펩타이드의 분비된 또는 가용성 형태(이하, "SIP"라 칭함)를 생성한다. 일부 측면에서, SIP는 그것이 분비되는 환경(예컨대 종양 미세환경)에서 동족 결합 파트너를 길항할 수 있다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는, 세포에서 TIP 또는 SIP로서 변이체 폴리펩타이드의 전달 또는 발현을 위해, 대상자에게 투여시 생체내에서 면역 세포 (예컨대 T 세포 또는 항원 제시 세포)와 같은 세포를 감염시킬 수 있는 감염 물질(예컨대 바이러스 또는 세균성 물질)에서 발현된다.

[201] 일부 구체예에서, vIgD를 함유하는 변이체 CD80와 같은 가용성 면역조절 폴리펩타이드는, 리포솜 내에 캡슐화되어 제공된 컨쥬게이트들(예컨대 표적화 모이어티)의 임의의 어느 하나 또는 임의의 조합에 리포솜 그 자체가 컨쥬게이트될 수 있다. 일부 구체예에서, 본 발명의 가용성 또는 막 결합 면역조절 폴리펩타이드는 탈글리코실화된다. 보다 특정한 구체예에서, 변이체 CD80 서열은 탈글리코실화된다. 보다 특정한 구체예에서, 변이체 CD80의 IgV 및/또는 IgC (예컨대 IgC2) 도메인 또는 도메인들이 탈글리코실화된다.

[202] 제공된 포맷의 비제한적인 예가 도 1A-1C 및 이하에 더욱 상세히 설명된다.

[0215] A. 가용성 단백질

- [0216] [203] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 함유하는 면역조절 단백질은 가용성 단백질이다. 통상의 기술자는 세포 표면 단백질이 전형적으로 세포내, 막관통, 및 세포외 도메인 (ECD)을 갖는다는 것 그리고 그러한 단백질의 가용성 형태가 세포외 도메인 또는 그의 면역학적 활성 서브서열을 이용하여 만들어질 수 있다는 것을 이해할 것이다. 그러므로, 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 함유하는 면역조절 단백질은 막관통 도메인 또는 막관통 도메인의 일부를 결여한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80을 함유하는 면역조절 단백질은 세포내 (세포질) 도메인 또는 세포내 도메인의 일부를 결여한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 함유하는 면역조절 단백질은 ECD 도메인 또는 IgV 도메인 및/또는 IgC (예컨대 IgC2) 도메인 또는 도메인들 또는 아미노산 변형(들)을 함유하는 그의 특이적 결합 단편을 함유하는 그의 일부를 함유하는 vIgD 부분만을 함유한다.
- [0217] [204] 일부 구체예에서, 변이체 CD80을 함유하는 면역조절 폴리펩타이드는 본 발명의 하나 이상의 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함할 수 있다. 일부 구체예에서 본 발명의 폴리펩타이드는 정확히 1, 2, 3, 4, 5개의 변이체 CD80 서열을 포함할 것이다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 서열들 중 적어도 두 개는 동일한 변이체 CD80 서열이다.
- [0218] [205] 일부 구체예에서, 제공된 면역조절 폴리펩타이드는 CD80의 2 이상의 vIgD 서열을 포함한다. 폴리펩타이드 사슬 내 복수개의 변이체 CD80 폴리펩타이드들은 서로 동일하거나(즉 동일 중) 또는 동일하지 않은(즉, 상이한 중) 변이체 CD80 서열일 수 있다. 단일 폴리펩타이드 사슬 구체예에 더해 일부 구체예에서, 본 발명의 폴리펩타이드 2, 3, 4개 이상이 서로 공유 또는 비공유적으로 부착될 수 있다. 그러므로, 본 발명에 따라 모노머, 다이머 및 더 고차수 (예컨대, 3, 4, 5 이상)의 멀티머 단백질이 제공된다. 예를 들어, 일부 구체예에서 본 발명의 폴리펩타이드 정확히 2개가 서로 공유 또는 비공유적으로 결합되어 다이머를 형성할 수 있다. 일부 구체예에서, 이러한 결합은 사슬간 시스테인 다이설파이드 결합을 통해 형성된다. 본 발명의 2 이상의 폴리펩타이드들을 포함하는 조성물은 동일 중 실질적으로 동일한 종의 폴리펩타이드(예컨대 호모다이머) 또는 상이한 종의 폴리펩타이드(예컨대 헤테로다이머)의 것일 수 있다. 본 발명의 연결된 폴리펩타이드들을 복수개 갖는 조성물은 전술한 바와 같이 각 폴리펩타이드 사슬 내에 본 발명의 동일 또는 상이한 변이체 CD80 폴리펩타이드를 하나 이상 가질 수 있다.
- [0219] [206] 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 면역글로불린 Fc에 부착된 변이체 CD80 폴리펩타이드 ("CD80 vIgD-Fc 융합체"라고도 불리는 "변이체 CD80-Fc 융합체"와 같은 "면역조절 Fc 융합체"를 생성함)를 포함한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드의 부착은 Fc의 N-말단에 존재한다. 일부 실시 양태에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드의 부착은 Fc의 C-말단에서 일어난다. 일부 구체예에서, 2개 이상의 CD80 변이체 폴리펩타이드 (동일하거나 상이함)는 N-말단 및 C-말단에 독립적으로 부착된다.
- [0220] [207] 일부 구체예에서, Fc는 쥐 또는 인간 Fc이다. 일부 구체예에서, Fc는 포유동물 또는 인간 IgG1, IgG2, IgG3, 또는 IgG4 Fc 영역이다. 일부 구체예에서, Fc는 IgG1, 예컨대 인간 IgG1으로부터 유래된다. 일부 구체예에서, Fc는 SEQ ID NO: 226에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO: 226에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함한다.
- [0221] [208] 일부 구체예에서, Fc 영역은 그의 정상적인 기능 중 하나 이상을 변경(예컨대 감소)시키기 위해 하나 이상의 변형을 함유한다. 일반적으로, Fc 영역은 면역글로불린의 주요 기능인, 항원-결합능에 더해, 보체-의존성 세포독성 (CDC) 및 항체-의존성 세포 세포독성 (ADCC)과 같은 이펙터 기능에 책임이 있다. 또한, Fc 영역 내에 존재하는 FcRn 서열은 생체내에서 FcRn 수용체에 대한 결합에 의해 생체내 반감기를 증가시킴으로써 혈청 내 IgG 수준을 조절하는 역할을 한다. 일부 구체예에서, 이러한 기능들은 제공된 Fc 융합 단백질들과의 사용을 위해 Fc에서 감소 또는 변경될 수 있다.
- [0222] [209] 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형이 본 발명에서 제공된 CD80-Fc 변이체 융합체의 Fc 영역에 도입되어, Fc 영역 변이체가 생성될 수 있다. 일부 구체예에서, Fc 영역 변이체는 감소된 이펙터 기능을 갖는다. 이펙터 기능을 변경시킬 수 있는 Fc 서열에 대한 변화 또는 돌연변이에는 많은 예가 있다. 예를 들어, WO 00/42072, WO2006019447, WO2012125850, WO2015/107026, US2016/0017041 및 Shields 외 *J Biol. Chem.* 9(2): 6591-6604 (2001)에는 FcR에 대해 증강 또는 저감된 결합을 나타내는 예시적인 Fc 변이체들이 설명되어 있다. 이들 문헌의 내용은 본 명세서에 상세히 참조 병합된다.
- [0223] [210] 일부 구체예에서, 제공된 변이체 CD80-Fc 융합체는 감소된 이펙터 기능을 나타내는 Fc 영역을 포함하는데, 이로 인해, 생체내에서의 CD80-Fc 변이체 융합체의 반감기가 중요하면서도 특정 이펙터 기능(예컨

대 CDC 및 ADCC)은 불필요하거나 해롭기까지 한 적용예에 있어서 바람직한 후보가 된다. CDC 및/또는 ADCC 활성의 감소/고갈을 확인하기 위해 시험관내 및/또는 생체내 세포독성 분석을 수행할 수 있다. CD80-Fc 변이체 융합체가 Fc γ R 결합능을 결여하지만(따라서 ADCC 활성을 결여할 가능성이 높음), FcRn 결합능은 보유한다는 것을 확인하기 위해 예컨대, Fc 수용체 (FcR) 결합 분석을 수행할 수 있다. ADCC를 매개하기 위한 일차 세포, NK 세포는 Fc γ RIII만을 발현하는 반면, 단구(monocytes)는 Fc γ RI, Fc γ RII 및 Fc γ RIII를 발현한다. 조혈세포 상에서의 FcR 발현이 문헌[Ravetch 및 Kinet, *Annu. Rev. Immunol.* 9:457-492 (1991)의 464 페이지 표 3]에 요약되어 있다. 관심 분자의 ADCC 활성을 평가하기 위한 시험관내 분석법의 비제한적인 예가 미국특허 No. 5,500,362 (예컨대 Hellstrom, I. 외 *Proc. Nat'l Acad. Sci. USA* 83:7059-7063 (1986) 참조) 및 Hellstrom, I 외, *Proc. Nat'l Acad. Sci. USA* 82:1499-1502 (1985); 미국특허 No. 5,821,337 (Bruggemann, M. 외, *J. Exp. Med.* 166:1351-1361 (1987)참조)에 설명되어 있다. 별법으로 비방사능 분석법도 사용가능하다 (예를 들어, 유세포 분석을 위한 ACTI™ 비방사능 세포독성 분석법 (CellTechnology, Inc. Mountain View, Calif.; 및 CytoTox 96™ 비방사능 세포독성 분석법 (Promega, Madison, Wis.)). 이러한 분석을 위한 유용한 이펙터 세포들에는 말초혈액 단핵구 세포(PBMC) 및 내추럴 킬러(NK) 세포가 포함된다. 별법으로 또는 이에 더해, 관심 분자의 ADCC 활성은 예컨대 문헌 [Clynes 외*Proc. Nat'l Acad. Sci. USA* 95:652-656 (1998)]에 설명된 바와 같은 동물 모델에서 생체내 평가될 수도 있다. CD80-Fc 변이체 융합체가 C1q에 결합하지 못함으로 해서 CDC 활성을 결여한다는 것을 확인하기 위해 C1q 결합 분석법 역시도 수행가능하다. 예컨대, WO 2006/029879 및 WO 2005/100402에서 C1q 및 C3c 결합 ELISA 부분 참조. 보체 활성화를 평가하기 위해, CDC 분석을 수행할 수도 있다 (예를 들어, Gazzano-Santoro 외, *J. Immunol. Methods* 202:163 (1996); Cragg, M. S. 외, *Blood* 101:1045-1052 (2003); 및 Cragg, M. S. 및 M. J. Glennie, *Blood* 103:2738-2743 (2004) 참조). FcRn 결합 및 생체내 소거/반감기 산정 역시도 기술분야의 공지 방법에 의해 수행가능하다 (예컨대, Petkova, S. B. 외, *Int'l. Immunol.* 18(12):1759-1769 (2006) 참조).

[0224] [211] 이펙터 기능이 감소된 CD80-Fc 변이체 융합체들에는 EU 넘버링에 의한 Fc 영역 잔기 238, 265, 269, 270, 297, 327 및 329들 중 하나 이상이 치환되어 있는 것들이 포함된다 (미국특허 No. 6,737,056). 이러한 Fc 돌연변이체에는 잔기 265 및 297가 알라닌으로 치환된 소위 "DANA" Fc 돌연변이체를 비롯하여, EU 넘버링에 의한 아미노산 위치 265, 269, 270, 297 및 327 중 2 이상이 치환된 Fc 돌연변이체가 포함된다 (미국특허 No. 7,332,581).

[0225] [212] 일부 구체예에서, CD80-Fv 변이체 융합체의 Fc 영역은 위치 234, 235, 236, 237, 238, 239, 270, 297, 298, 325, 및 329 (EU 넘버링에 따름) 중 1 이상의 임의의 아미노산이 천연 Fc 영역에 비해 상이한 아미노산으로 치환되어 있는 Fc 영역을 갖는다. Fc 영역의 이러한 변경은 전술한 변경에 국한되지 않으며, 예를 들어 Current Opinion in Biotechnology (2009) 20 (6), 685-691에 설명된, 탈글리코실화된 사슬 (N297A 및 N297Q), IgG1-N297G, IgG1-L234A/L235A, IgG1-L234A/L235E/G237A, IgG1-A325A/A330S/P331S, IgG1-C226S/C229S, IgG1-C226S/C229S/E233P/L234V/L235A, IgG1-E233P/L234V/L235A/G236de1/ S267K, IgG1-L234F/L235E/P331S, IgG1-S267E/L328F, IgG2-V234A/G237A, IgG2-H268Q/V309L/A330S/A331S, IgG4-L235A/G237A/E318A, 및 IgG4-L236E 등의 변경; WO 2008/092117에 설명되어 있는 G236R/L328R, L235G/G236R, N325A/L328R, 및 N325LL328R 등의 변경; 위치 233, 234, 235, 및 237 (EU 넘버링에 의함)에서의 아미노산 삽입; 및 WO 2000/042072에 설명된 위치에서의 변경 등이 포함된다.

[0226] [213] FcRs에 대해 증강 또는 저감된 결합능을 갖는 어떤 Fc 변이체들이 설명된다 (예컨대, 미국특허 No. 6,737,056; WO 2004/056312, WO2006019447 및 Shields 외, *J. Biol. Chem.* 9(2): 6591-6604 (2001) 참조.)

[0227] [214] 일부 구체예에서, 반감기를 증가시키거나 및/또는 신생아 Fc 수용체(FcRn)에 대한 결합을 향상시키는 하나 이상의 아미노산 치환을 포함하는 변이체 Fc 영역을 포함하는 CD80-Fc 변이체 융합체가 제공된다. 반감기가 증가되고 FcRnp 대해 개선된 결합을 나타내는 항체들이 US2005/0014934A1 (Hinton 외) 또는 WO2015107026에 설명되어 있다. 이 항체들은 FcRn에 대한 Fc 영역의 결합을 향상시키는 치환이 Fc 영역에 하나 이상 포함되어 있다. 이러한 Fc 변이체에는 Fc 영역 잔기들: EU 넘버링에 의할 때 238, 256, 265, 272, 286, 303, 305, 307, 311, 312, 317, 340, 356, 360, 362, 376, 378, 380, 382, 413, 424 또는 434 중 하나 이상이 치환된, 예컨대 Fc 영역 잔기 434가 치환된 것들이 포함된다 (미국특허 No. 7,371,826).

[0228] [215] 일부 구체예에서, CD80-Fc 변이체 융합체의 Fc 영역은 하나 이상의 아미노산 치환 E356D 및 M358L을 포함한다. 일부 구체예에서, CD80-Fc 변이체 융합체의 Fc 영역은 하나 이상의 아미노산 치환 C220S, C226S, C229S를 포함한다. 일부 구체예에서, CD80 변이체 융합체의 Fc 영역은 하나 이상의 아미노산 치환 R292C 및 V302C를 포

함한다. 그 밖의 Fc 영역 변이체에 대하여는 Duncan & Winter, *Nature* 322:738-40 (1988); 미국특허 No. 5,648,260; 미국특허 No. 5,624,821; 및 WO 94/29351을 참조할 것.

- [0229] [216] 일부 구체예에서, 예컨대 미국특허 No. 6,194,551, WO 99/51642, 및 Idusogie 외, *J. Immunol.* 164: 4178-4184 (2000)에 설명된 바와 같이, 감소된 C1q 결합 및/또는 보체 의존성 세포독성(CDC)을 결과시키는 변형이 Fc 영역에서 만들어진다.
- [0230] [217] 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형을 포함하되, IgG1, 예컨대 인간 IgG1으로부터 유래된 변이체 Fc 영역을 포함하는, CD80-Fc 변이체 융합체가 제공된다. 일부 구체예에서, 변이체 Fc 영역은 SEQ ID NO: 226에 제시된 아미노산 서열로부터 유래된다. 일부 구체예에서, Fc는 SEQ ID NO: 226의 넘버링에 의할 경우 N82G(EU 넘버링의 N297G에 대응)인 적어도 하나의 아미노산 치환을 함유한다. 일부 구체예에서, Fc는 SEQ ID NO: 226의 넘버링에 의할 경우 R77C 또는 V87C(EU 넘버링의 R292C 또는 V302C에 대응)인 적어도 하나의 아미노산 치환을 함유한다. 일부 구체예에서, 변이체 Fc 영역은 SEQ ID NO: 226의 넘버링에 의할 경우 C5S 아미노산 변형(EU 넘버링의 C220S에 대응)을 함유한다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 변이체 Fc 영역은 다음의 아미노산 변형을 포함한다: SEQ ID NO:226를 참조로 N82G 및 다음 아미노산 변형 중 하나 이상 C5S, R77C 또는 V87C.
- [0231] [218] 일부 구체예에서, SEQ ID NOS:389, 392-394 및 413 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열, 또는 SEQ ID NOS:389, 392-394 및 413 중 어느 하나에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 변이체 Fc를 포함하는 CD80-Fc 변이체 융합체가 제공된다.
- [0232] [219] 일부 구체예에서, Fc는 IgG2, 예컨대 인간 IgG2로부터 유래한다. 일부 구체예에서, Fc는 SEQ ID NO: 227에 제시된 아미노산 서열, 또는 SEQ ID NO: 227에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함한다.
- [0233] [220] 일부 구체예에서, Fc는 SEQ ID NO: 411에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO: 411에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, IgG4 Fc는 인간 IgG4의 CH3 도메인이 인간 IgG1의 CH3 도메인으로 치환되고 억제된 응집체 형성을 나타내는 안정화된 Fc, 인간 IgG4의 CH3 및 CH2 도메인이 인간 IgG1의 CH3 및 CH2 도메인으로 각각 치환되어 있는 항체, 또는 Kabat 등에 의해 제안된 EU 인덱스로 표시할 경우 위치 409의 아르기닌이 리신으로 치환되고 억제된 응집체 형성을 나타내는 항체이다 (예컨대 미국특허 No. 8,911,726 참조). 일부 구체예에서, Fc는 Fab-아암(Fab-arm) 교환에 의해 내인성 IgG4와 치료용 항체 간의 재조합을 방지하는 것으로 나타난, S228P 돌연변이를 함유하는 IgG4이다(예컨대 Labrijin 외 (2009) *Nat. Biotechnol.*, 27(8)767-71 참조). 일부 구체예에서, Fc는 SEQ ID NO: 412에 제시된 서열 또는 SEQ ID NO: 412에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함한다.
- [0234] [221] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 Fc 서열에 직접 연결된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 링커를 경유하는 등에 의해 Fc 서열에 간접적으로 연결된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 "펩타이드 링커들"이 변이체 CD80 폴리펩타이드와 Fc 도메인을 연결한다. 일부 구체예에서, 펩타이드 링커는 단일 아미노산 잔기이거나 또는 더 긴 길이일 수 있다. 일부 구체예에서, 펩타이드 링커는 적어도 하나의 아미노산 잔기를 갖지만 그 길이는 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 또는 1 아미노산 잔기 이하이다. 일부 구체예에서, 링커는 (1-문자 아미노산 코드로 표시할 경우): GGGGS ("4GS") 또는 4GS 링커의 멀티머, 예컨대 2, 3, 4, 또는 5 4GS 링커들이다.
- [0235] [222] 일부 구체예에서, 변이체 CD80-Fc 융합 단백질은 Fc 도메인에 연결된 2개의 변이체 CD80 Fc 폴리펩타이드에 의해 형성된 다이머이다. 일부 특정 구체예에서, CD80-Fc 변이체 융합 폴리펩타이드의 동일하거나 실질적으로 동일한 종들(3개 미만의 N-말단 또는 C-말단 아미노산 서열 차이가 허용됨)이 다이머화되어 호모다이머를 형성한다. 일부 구체예에서, 다이머는 그의 2 변이체 CD80 Fc 폴리펩타이드가 동일한 호모다이머이다. 별법으로, 상이한 종들의 CD80-Fc 변이체 융합 폴리펩타이드가 다이머화되어 헤테로다이머를 형성할 수 있다. 따라서, 일부 구체예에서, 다이머는 그의 2 변이체 CD80 Fc 폴리펩타이드가 상이한 헤테로다이머이다.
- [0236] [223] 변이체 CD80-Fc 융합 단백질을 인코딩하는 핵산 분자도 제공된다. 일부 구체예에서, Fc 융합 단백질의 생산을 위해, 변이체 CD80-Fc 융합 단백질을 인코딩하는 핵산 분자가 적절한 발현 벡터에 삽입된다. 결과적인 변이체 CD80-Fc 융합 단백질은, Fc 도메인들 간의 어셈블리가 Fc 모이어티들 간에 형성된 사슬간 다이설파이드 결

합에 의해 일어나, 다이머, 예컨대 2개의 변이체 CD80-Fc 융합 단백질가 형성되는 발현에 의해 형질전환된 숙주 세포에서 발현될 수 있다.

[0237] [224] 결과적인 Fc 융합 단백질은 단백질 A 또는 단백질 G 컬럼에 대해 친화성 크로마토그래피에 의해 쉽게 정제가능하다. 헤테로다이머 생성을 위해서는 부가적인 정제 단계가 필요할 수 있다. 예를 들어, 상이한 변이체 CD80 폴리펩타이드들을 인코딩하는 2개의 핵산을 세포에 형질전환되는 경우, 헤테로다이머의 형성은 생화학적으로 달성되어야 하는데 이는 Fc-도메인을 갖는 변이체 CD80 분자가 다이설파이드-연결된 호모다이머로서도 발현될 것이기 때문이다. 그러므로, 호모다이머는 사슬간 다이설파이드의 파괴를 선호하지만 사슬내 다이설파이드에는 아무런 영향을 미치지 않는 조건 하에서 감소될 수 있다. 일부 경우에서, 상이한 변이체-CD80 Fc 모노머들을 동 몰량으로 혼합 및 산화시켜 호모다이머와 헤테로다이머의 혼합물을 형성한다. 이 혼합물의 성분들을 크로마토그래피 기술에 의해 분리한다. 별법으로, 이러한 유형의 헤테로다이머 형성은 유전자 조작 및 후술되는 knob-into-hole 방법을 이용하여, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 함유하는 Fc 융합 분자를 유전자 조작 및 발현함으로써 우회될 수 있다.

[0238] B. 부가적인 IgSF 도메인을 갖는 적층 분자들

[0239] [225] 일부 구체예에서, 면역조절 단백질들은 하나 이상의 다른 면역글로불린 슈퍼패밀리 (IgSF) 도메인에 직접 또는 간접적으로 연결된, 본 발명에서 제공된 임의의 변이체 CD80 폴리펩타이드를 함유할 수 있다 ("적층된 (stacked)" 면역조절 단백질 구조물 및 "II형" 면역조절 단백질이라고도 칭함). 일부 측면에서, 이것은 2 이상, 예컨대 3 이상의 동족 결합 파트너와 결합함으로써 면역 시냅스의 멀티-표적화 조절을 제공하는 독특한 멀티-도메인 면역조절 단백질을 만들 수 있다.

[0240] [226] 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 야생형 IgSF 패밀리 멤버에서는 발견되지 않는 또 다른 IgSF 패밀리 멤버(예컨대 포유동물 IgSF 패밀리 멤버)의 하나 이상의 다른 친화성 변형된 및/또는 비-친화성 변형된 IgSF 도메인 서열의 조합("비-야생형 조합") 및/또는 배열 ("비-야생형 배열" 또는 "비-야생형 순열")을 포함한다. 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 2, 3, 4, 5 또는 6개의 면역글로불린 슈퍼패밀리 (IgSF) 도메인을 포함하며, 여기서 IgSF 도메인 중 적어도 하나는 본 발명에 따른 변이체 CD80 IgSF 도메인 (CD80의 vIgD)이다.

[0241] [227] 일부 구체예에서, 부가적인 IgSF 도메인의 서열은 야생형 또는 비변형 IgSF 도메인에 비해, 하나 이상의 아미노산 변형, 예컨대 치환을 함유하는 변형된 IgSF 도메인일 수 있다. 일부 구체예에서, IgSF 도메인은 비-친화성 변형된 (예컨대, 야생형) 것이거나 또는 친화성 변형된 것일 수 있다. 일부 구체예에서, 비변형 또는 야생형 IgSF 도메인은 마우스, 래트, 시노물구스 원숭이, 또는 인간 유래, 또는 이의 조합으로부터 유래할 수 있다. 일부 구체예에서, 부가적인 IgSF 도메인은 표 2에 제시된 IgSF 패밀리 멤버의 IgSF 도메인일 수 있다. 일부 구체예에서, 부가적인 IgSF 도메인은 표 2에 제시된 IgSF 패밀리 멤버에 함유된 IgSF 도메인에 비해, 하나 이상의 아미노산 변형, 예컨대 치환을 함유하는 친화성-변형된 IgSF 도메인일 수 있다.

[0242] [228] 일부 구체예에서, 부가적인 IgSF 도메인은 시그널-조절 단백질(SIRP) 패밀리, 골수세포 상에 발현된 촉발 수용체 유사(TREML) 패밀리, 암배아 항원-관련 세포 부착 분자(CEACAM) 패밀리, 시알산 결합 Ig-유사 렉틴(SIGLEC) 패밀리, 부티로필린 패밀리, B7 패밀리, CD28 패밀리, V-set 및 면역글로불린 도메인 함유(VSIG) 패밀리, V-set 막관통 도메인(VSTM) 패밀리, 주요조직적합 복합체 (MHC) 패밀리, 시그널링 림프구 활성화 분자(SLAM) 패밀리, 백혈구 면역글로불린-유사 수용체 (LIR), 넥틴 (Nec) 패밀리, 넥틴-유사 (NECL) 패밀리, 폴리오바이러스 수용체 관련 (PVR) 패밀리, 내추럴 세포독성 촉발 수용체 (NCR) 패밀리, T 세포 면역글로불린 및 뮤신(TIM) 패밀리 또는 킬러-세포 면역글로불린-유사 수용체 (KIR) 패밀리로부터 선택된 패밀리의 IgSF 패밀리 멤버에 함유된 친화성 또는 비-친화성 변형된 IgSF 도메인이다. 일부 구체예에서, 부가적인 IgSF 도메인은 CD80(B7-1), CD86(B7-2), CD274 (PD-L1, B7-H1), PDCD1LG2(PD-L2, CD273), ICOSLG(B7RP1, CD275, ICOSL, B7-H2), CD276(B7-H3), VTCN1(B7-H4), CD28, CTLA-4, PDCD1(PD-1), ICOS, BTLA(CD272), CD4, CD8A(CD8-알파), CD8B(CD8-베타), LAG3, HAVCR2(TIM-3), CEACAM1, TIGIT, PVR(CD155), PVRL2(CD112), CD226, CD2, CD160, CD200, CD200R1(CD200R), 및 NC R3 (NKp30)로 이루어진 군으로부터 선택된 IgSF 단백질로부터 독립적으로 유래한다.

[0243] [229] 표 2의 첫 번째 열은 명칭 및 선택적으로 그 특정 IgSF 멤버에 대한 가능한 어떤 동의어의 명칭을 나타낸다. 두 번째 열은 uniprot.org에서 인터넷을 통해 접근가능한 공개적으로 이용가능한 데이터베이스인 UniProtKB 데이터베이스의 단백질 동정자, 또는, 일부 경우 GenBank Number를 나타낸다. Universal Protein Resource (UniProt)는 단백질 서열 및 주석이 달린 데이터의 포괄적인 리소스이다. UniProt 데이터베이스는 UniProt Knowledgebase (UniProtKB)를 포함한다. UniProt은 UniProt은 유럽 생물 정보학 연구소 (EMBL-EBI), SIB 스위

스 생물 정보학 연구소 및 PIR (Protein Information Resource) 간의 공동 작업으로 미국 국립 보건원 (NIH)의 보조금으로 주로 지원되고 있다. GenBank는 공개적으로 이용 가능한 모든 DNA 서열의 주석이 달린 컬렉션 인 NIH 유전자 서열 데이터베이스이다 (Nucleic Acids Research, 2013 Jan; 41 (D1):D36-42). 세 번째 열은 표시된 IgSF 도메인이있는 영역을 나타낸다. 이 영역은 도메인이 범위를 정의하는 잔기를 포함하는 범위로 지정된다. 3열은 지정된 IgSF 영역에 대한 IgSF 도메인 클래스를 나타내기도 한다. 4열은 표시된 추가 도메인이있는 영역을 나타낸다. (신호 펩타이드, S; 세포외 도메인, E; 막관통 도메인, T; 세포질 도메인, C). 도메인의 설명은 도메인을 식별하거나 분류하는데 사용되는 방법에 따라 달라질 수 있으며, 서로 다른 출처와 다르게 식별될 수 있다. 표 2의 도메인에 상응하는 잔기에 대한 설명은 단지 예시를 위한 것이며 수 개의 아미노산 (예컨대, 1, 2, 3 또는 4개)만큼 길거나 짧을 수 있다. 5열은 나열된 IgSF 멤버 중 일부에 대해 그의 동종 세포 표면 결합 파트너 중 일부를 나타낸다.

표 2. 본 발명에 따른 IgSF 멤버들.							
IgSF 멤버 (동의어)	UniProtKB 단백질 아이덴티파 이어	IgSF 영역 & 도메인 클래스	기타 도메인	동종 세포 표면 결합 파트너	IgSF 멤버 아미노산 서열 (SEQ ID NO)		
					전구체 (성숙 잔기들)	성숙	ECD
CD80 (B7-1)	NP_005182.1 P33681	35-135, 35-138, 37-138, 또는 35-141 IgV, 145-230 또는 154-232 IgC	S: 1-34, E: 35-242, T: 243-263, C: 264-288	CD28, CTLA-4, PD-L1	SEQ ID NO: 1 (35-288)	SEQ ID NO: 253	SEQ ID NO: 28
CD86 (B7-2)	P42081.2	33-131 IgV, 150-225 IgC2	S: 1-23, E: 24-247, T: 248-268, C: 269-329	CD28, CTLA-4	SEQ ID NO: 2 (24-329)	SEQ ID NO: 254	SEQ ID NO: 29
CD274 (PD-L1, B7-H1)	Q9NZQ7.1	24-130 IgV, 133-225 IgC2	S: 1-18, E: 19-238, T: 239-259, C: 260-290	PD-1, B7-1	SEQ ID NO: 3 (19-290)	SEQ ID NO: 255	SEQ ID NO: 30
PDCD1LG2 (PD-L2, CD273)	Q9BQ51.2	21-118 IgV, 122-203 IgC2	S: 1-19, E: 20-220, T: 221-241, C: 242-273	PD-1, RGMb	SEQ ID NO: 4 (20-273)	SEQ ID NO: 256	SEQ ID NO: 31
ICOSLG (B7RP1, CD275, ICOSL, B7-H2)	O75144.2	19-129 IgV, 141-227 IgC2	S: 1-18, E: 19-256, T: 257-277, C: 278-302	ICOS, CD28, CTLA-4	SEQ ID NO: 5 (19-302)	SEQ ID NO: 257	SEQ ID NO: 32
CD276 (B7-H3)	Q5ZPR3.1	29-139 IgV, 145-238 IgC2, 243-357 IgV, 367-453 IgC	S: 1-28, E: 29-466, T: 467-487, C: 488-534		SEQ ID NO: 6 (29-534)	SEQ ID NO: 258	SEQ ID NO: 33
VTCN1 (B7-H4)	Q7Z7D3.1	35-146 IgV, 153-241 IgV	S: 1-24, E: 25-259, T: 260-280, C: 281-282		SEQ ID NO: 7 (25-282)	SEQ ID NO: 259	SEQ ID NO: 34
CD28	P10747.1	28-137 IgV	S: 1-18, E: 19-152, T: 153-179, C: 180-220	B7-1, B7-2, B7RP1	SEQ ID NO: 8 (19-220)	SEQ ID NO: 260	SEQ ID NO: 35
CTLA-4	P16410.3	39-140 IgV	S: 1-35, E: 36-161, T: 162-182, C: 183-223	B7-1, B7-2, B7RP1	SEQ ID NO: 9 (36-223)	SEQ ID NO: 261	SEQ ID NO: 36
PDCD1 (PD-1)	Q15116.3	35-145 IgV	S: 1-20, E: 21-170, T: 171-191, C: 192-288	PD-L1, PD-L2	SEQ ID NO: 10 (21-288)	SEQ ID NO: 262	SEQ ID NO: 37

표 2. 본 발명에 따른 IgSF 멤버들.							
IgSF 멤버 (동의어)	UniProtKB 단백질 아이덴티파 이어	IgSF 영역 & 도메인 클래스	기타 도메인	동종 세포 표면 결합 파트너	IgSF 멤버 아미노산 서열 (SEQ ID NO)		
					전구체 (성숙 잔기들)	성숙	ECD
ICOS	Q9Y6W8.1	30-132 IgV	S: 1-20, E: 21-140, T: 141-161, C: 162-199	B7RP1	SEQ ID NO: 11 (21-199)	SEQ ID NO: 263	SEQ ID NO: 38
BTLA (CD272)	Q7Z6A9.3	31-132 IgV	S: 1-30, E: 31-157, T: 158-178, C: 179-289	HVEM	SEQ ID NO: 12 (31-289)	SEQ ID NO: 264	SEQ ID NO: 39
CD4	P01730.1	26-125 IgV, 126-203 IgC2, 204-317 IgC2, 317-389 IgC2	S: 1-25, E: 26-396, T: 397-418, C: 419-458	MHC class II	SEQ ID NO: 13 (26-458)	SEQ ID NO: 265	SEQ ID NO: 40
CD8A (CD8- alpha)	P01732.1	22-135 IgV	S: 1-21, E: 22-182, T: 183-203, C: 204-235	MHC class I	SEQ ID NO: 14 (22-235)	SEQ ID NO: 266	SEQ ID NO: 41
CD8B (CD8- 베타)	P10966.1	22-132 IgV	S: 1-21, E: 22-170, T: 171-191, C: 192-210	MHC class I	SEQ ID NO: 15 (22-210)	SEQ ID NO: 267	SEQ ID NO: 42
LAG3	P18627.5	37-167 IgV, 168-252 IgC2, 265-343 IgC2, 349-419 IgC2	S: 1-28, E: 29-450, T: 451-471, C: 472-525	MHC class II	SEQ ID NO: 16 (29-525)	SEQ ID NO: 268	SEQ ID NO: 43
HAVCR2 (TIM-3)	Q8TDQ0.3	22-124 IgV	S: 1-21, E: 22-202, T: 203-223, C: 224-301	CEACAM-1, 포스파티딜세 린, Galectin-9, HMGB1	SEQ ID NO: 17 (22-301)	SEQ ID NO: 269	SEQ ID NO: 44
CEACAM 1	P13688.2	35-142 IgV, 145-232 IgC2, 237-317 IgC2, 323-413 IgC	S: 1-34, E: 35-428, T: 429-452, C: 453-526	TIM-3	SEQ ID NO: 18 (35-526)	SEQ ID NO: 270	SEQ ID NO: 45
TIGIT	Q495A1.1	22-124 IgV	S: 1-21, E: 22-141, T: 142-162, C: 163-244	CD155, CD112	SEQ ID NO: 19 (22-244)	SEQ ID NO: 271	SEQ ID NO: 46
PVR (CD155)	P15151.2	24-139 IgV, 145-237 IgC2, 244-328 IgC2	S: 1-20, E: 21-343, T: 344-367, C: 368-417	TIGIT, CD226, CD96, 폴리오마이러 스	SEQ ID NO: 20 (21-417)	SEQ ID NO: 272	SEQ ID NO: 47
PVRL2 (CD112)	Q92692.1	32-156 IgV, 162-256 IgC2, 261-345 IgC2	S: 1-31, E: 32-360, T: 361-381, C: 382-538	TIGIT, CD226, CD112R	SEQ ID NO: 21 (32-538)	SEQ ID NO: 273	SEQ ID NO: 48

[0245]

표 2. 본 발명에 따른 IgSF 멤버들.							
IgSF 멤버 (동의어)	UniProtKB 단백질 아이덴티파 이어	IgSF 영역 & 도메인 클래스	기타 도메인	동종 세포 표면 결합 파트너	IgSF 멤버 아미노산 서열 (SEQ ID NO)		
					전구체 (성숙 잔기들)	성숙	ECD
CD226	Q15762.2	19-126 IgC2, 135-239 IgC2	S: 1-18, E: 19-254, T: 255-275, C: 276-336	CD155, CD112	SEQ ID NO: 22 (19-336)	SEQ ID NO: 274	SEQ ID NO: 49
CD2	P06729.2	25-128 IgV, 129-209 IgC2	S: 1-24, E: 25-209, T: 210-235, C: 236-351	CD58	SEQ ID NO: 23 (25-351)	SEQ ID NO: 275	SEQ ID NO: 50
CD160	O95971.1	27-122 IgV	S: 1-26 E: 27-122	HVEM, MHC 단백질 패밀리	SEQ ID NO: 24 (27-159)	SEQ ID NO: 276	SEQ ID NO: 51
CD200	P41217.4	31-141 IgV, 142-232 IgC2	S: 1-30, E: 31-232, T: 233-259, C: 260-278	CD200R	SEQ ID NO: 25 (31-278)	SEQ ID NO: 277	SEQ ID NO: 52
CD200R1 (CD200R)	Q8TD46.2	53-139 IgV, 140-228 IgC2	S: 1-28, E: 29-243, T: 244-264, C: 265-325	CD200	SEQ ID NO: 26 (29-325)	SEQ ID NO: 278	SEQ ID NO: 53
NCR3 (NKp30)	O14931.1	19-126 IgC- 유사	S: 1-18, E: 19-135, T: 136-156, C: 157-201	B7-H6	SEQ ID NO: 27 (19-201)	SEQ ID NO: 279	SEQ ID NO: 54
VSIG8	Q5VU13	22-141 IgV 1 146-257 IgV 2	S: 1-21 E: 22-263 T: 264-284 C: 285-414	VISTA	SEQ ID NO: 348 (22-414)	SEQ ID NO: 349	SEQ ID NO: 350

[0246]

[0247]

[230] "적층된(stacked)" 면역조절 단백질 구조물 (비-야생형 조합이건 또는 비-야생형 배열이건)에 존재하는 이러한 비-친화성 변형된 또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의 수는 적어도 2, 3, 4, 또는 5개이고 일부 구체예에서는 정확히 2, 3, 4, 또는 5개의 IgSF 도메인이다 (이로써 친화성 변형된 IgSF 도메인의 수의 측정은 그의 비특이적 결합 분획 서열 및/또는 그의 실질적으로 면역학적으로 불활성인 분획 서열을 무시한다).

[0248]

[231] 본원에서 제공된 적층형 면역조절 단백질의 일부 구체예에서, 변형된 친화성의 수 및 비-친화성 변형된 IgSF 도메인의 수는 각각 독립적으로 적어도: 0, 1, 2, 3, 4, 5, 또는 6이다. 따라서, 친화성 변형된 IgSF 도메인의 수 및 비-친화성 변형된 IgSF 도메인의 수 (친화성 변형된 IgSF 도메인: 비-친화성 변형된 IgSF 도메인)는 정확하게 또는 적어도 2 : 0 (친화성 변형된 것: 야생형), 0:2, 2:1, 1:2, 2:2, 2:3, 3:2, 2:4, 4:2, 1:1, 1:3, 3:1, 1:4, 4:1, 1:5, 또는 5:1이다.

[0249]

[232] 적층된 면역조절 단백질의 일부 구체예에서, 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인들 중 적어도 2개는 동일한 IgSF 도메인이다.

[0250]

[233] 일부 구체예에서, 본원에서 제공되는 적층된 면역 조절 단백질은 단일 IgSF 멤버로부터 유래하지만 비-야생형 배열 (대안적으로, "순열")인 적어도 2개의 친화성 변형된 및/또는 비-친화성 변형된 IgSF 도메인을 포함한다. 비 야생형 배열 또는 순열의 하나의 예시는 그 IgSF 도메인 서열이 본원에서 제공된 바와 같은 변이체 IgSF 도메인의 공급원으로 사용된 것인 야생형 CD80에서 발견되는 것들에 상대적으로 친화성 변형된 및/또는 비-친화성 변형된 IgSF 도메인 서열의 비-야생형 차수를 포함하는 면역조절 단백질이다. 따라서, 일례에서, 면역조절 단백질은 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 형태임에도 불구하고 막관통 도메인에 대해 근위(proximal)인 IgV 및 원위(distal)인 IgC를 포함할 수 있다. 본원에서 제공된 면역조절 단백질에서, 비친 화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의 비-야생형 조합 및 비-야생형 배열 두 가지 모두의 존재 역시도 본 발명의 보호범위 내이다.

[0251]

[234] 적층된 면역조절 단백질의 일부 구체예에서, 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인은 비-동일 (즉, 상이한) IgSF 도메인이다. 비-동일한 친화성 변형된 IgSF 도메인들은 특이적 결합 조건 하에서 상이한 동족 결합 파트너들과 결합하며 이들이 조작된 야생형 또는 비변형 IgSF 도메인이 동일하였던 것인지와 무관

하게 "비-동일"하다. 그러므로, 예를 들어, 면역조절 단백질 내 적어도 두 개의 비-동일 IgSF 도메인의 비-야생형 조합은 그의 기원이 하나 이상의 CD80으로부터 유래하고 유일한 적어도 하나의 IgSF 도메인 서열 및 그 기원이 CD80이 아닌 다른 IgSF 패밀리의 멤버로부터 유래하고 유일한 것인 적어도 하나의 제2 IgSF 도메인 서열을 포함하며, 여기서 면역조절 단백질의 IgSF 도메인은 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 형태이다. 그러나, 대안적인 구체예에서, 2개의 비-동일 IgSF 도메인은 동일한 IgSF 도메인 서열로부터 유래하지만, 적어도 하나는 상이한 동족 결합 파트너에 특이적으로 결합하도록 친화성 변형된 것이다.

[0252] [235] 일부 구체예에서, 제공된 면역조절 단백질은, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 함유하는 것에 더해, 적어도 2, 3, 4, 5 또는 6개의 부가적인 면역글로불린 슈퍼패밀리 (IgSF) 도메인, 예컨대 표 2에 제시된 IgSF 패밀리의 IgD 도메인을 포함한다. 일부 구체예에서, 제공된 면역조절 단백질은 적어도 하나의 부가적인 IgSF 도메인 (예컨대 제2 IgSF 도메인)을 함유하되 여기서 적어도 하나의 부가적인 또는 제2 IgSF 도메인은 SEQ ID NOS: 1-27 및 348 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열에 함유된 야생형 또는 비변형 IgSF 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편에 제시된 IgSF 도메인이다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 IgSF 도메인은 IgV 도메인 또는 IgC 도메인, 예컨대 IgC1 또는 IgC2 도메인이다.

[0253] [236] 일부 구체예에서, 제공된 면역조절 단백질은, 변이체 CD80 폴리펩타이드에 더해, 표 2에 제시된 IgSF 패밀리의 IgSF 도메인과 같은, 야생형 또는 비변형 IgSF 도메인 내 IgSF에 비해, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대 치환, 결실 또는 돌연변이)를 함유하는 vIgD인 부가적인 IgSF 도메인 (예컨대 제2 IgSF 도메인) 역시도 적어도 한 개 포함한다. 일부 구체예에서, 상기 부가적인 또는 제2 친화성-변형된 IgSF 도메인은 SEQ ID NOS: 1-27 및 348 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열에 함유된 야생형 또는 비변형 IgSF 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 갖는다. 일부 구체예에서, 야생형 또는 비변형 IgSF 도메인은 IgV 도메인 또는 IgC 도메인, 예컨대 IgC1 또는 IgC2 도메인이다. 일부 구체예에서, 부가적인 또는 제2 IgSF 도메인은 친화성-변형된 IgV 도메인 또는 IgC 도메인이다.

[0254] [237] 일부 구체예에서, 하나 이상의 부가적인 IgSF 도메인 (예컨대 제2 IgSF) 도메인은 종양 항원에 결합 또는 이를 인식하는 또 다른 IgSF 패밀리의 IgSF 도메인 (예컨대 IgV)이다. 이러한 구체예에서, IgSF 패밀리의 멤버는 종양-위치화 모이어티로서 작용함으로써, CD80의 vIgD를 종양 미세환경 내 면역 세포에 근접하게 한다. 일부 구체예에서, 부가적인 IgSF 도메인 (예컨대 제2 IgSF) 도메인은 종양 세포에서 발현된 B7-H6와 결합하거나 이를 인식하는 Nkp30의 IgSF 도메인이다. 일부 구체예에서, 적어도 하나의 부가적인 (예컨대 제2) IgSF 도메인, 예컨대 Nkp30은, 하나 이상의 아미노산 변형 (예컨대 치환, 결실 또는 부가)를 함유하는 vIgD이다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 변형은 비변형 IgSF 도메인, 예컨대 Nkp30에 비해 B7-H6에 대한 결합 친화성 및/또는 민감성을 예컨대 적어도 또는 적어도 약 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배 40배 또는 50배 증가시킨다. 예시적인 폴리펩타이드는 SEQ ID NO:54에 제시된 위치에 대응하는 Nkp30 세포의 도메인의 위치를 참조로 돌연변이 L30V/A60V/S64P/S86G를 함유하는 Nkp30 변이체이다.

[0255] [238] 표 3-5는 본원에 제공된 적층 구조물에서 사용될 수 있는 친화성-변형된 IgSF 도메인을 하나 이상 함유하는 예시적인 폴리펩타이드들을 나타낸다.

표 3: 예시적인 변이체 ICOSL 폴리펩타이드들		
돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
야생형	32	196
N52S	109	197
N52H	110	198
N52D	111	199
N52Y/N57Y/F138L/L203P	112	200
N52H/N57Y/Q100P	113	201
N52S/Y146C/Y152C	114	
N52H/C198R	115	
N52H/C140D/T225A	116	
N52H/C198R/T225A	117	
N52H/K92R	118	202
N52H/S99G	119	203
N52Y	120	204
N57Y	121	205
N57Y/Q100P	122	206
N52S/S130G/Y152C	123	
N52S/Y152C	124	
N52S/C198R	125	
N52Y/N57Y/Y152C	126	
N52Y/N57Y/H129P/C198R	127	
N52H/L161P/C198R	128	
N52S/T113E	129	
S54A	130	207
N52D/S54P	131	208
N52K/L208P	132	209
N52S/Y152H	133	
N52D/V151A	134	
N52H/I143T	135	
N52S/L80P	136	210
F120S/Y152H/N201S	137	
N52S/R75Q/L203P	138	211
N52S/D158G	139	
N52D/Q133H	140	
N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R	141	212
N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	142	213
N52S/G103E	239	240
N52H/C140del/T225A	478	

[0256]

표 4: 예시적인 변이체 NKp30 폴리펩타이드들		
돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgC-유사 도메인 SEQ ID NO
야생형	54	214
L30V/A60V/S64P/S86G	143	215
L30V	144	216
A60V	145	217
S64P	146	218
S86G	147	219

[0257]

표 5: 예시적인 변이체 CD86 폴리펩타이드들		
돌연변이(들)	ECD SEQ ID NO	IgV SEQ ID NO
야생형	29	220
Q35H/H90L/Q102H	148	221
Q35H	149	222
H90L	150	223
Q102H	151	224

[0258]

[0259]

[239] 일부 구체예에서, 다른 IgSF 패밀리 멤버로부터의 하나 이상의 부가적인 IgSF 도메인 (예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인) 및 CD80의 vIgD를 포함하는 2 이상의 IgSF 도메인은 공유적으로 또는 비공유적으로 연결된다. 적층된 면역조절 단백질 폴리펩타이드 내 복수의 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인들은 서로

공유적으로 직접 연결될 필요는 없다. 일부 구체예에서, 2 이상의 IgSF 도메인들은 직접 또는 링커를 통한 것과 같이 간접적으로 연결된다. 일부 구체예에서, 하나 이상의 아미노산 잔기의 개재 스패(intervening span)은 IgSF 도메인들을 서로 간접적으로 공유결합시킨다. 이러한 연결은 N-말단 내지 C-말단 잔기들을 통해 이루어질 수 있다. 일부 구체예에서, 이러한 연결은 IgSF 도메인(들)의 N-말단 또는 C-말단에 위치하지 않는 아미노산 잔기의 측쇄를 통해 이루어질 수 있다. 따라서, 결합은 말단 또는 내부 아미노산 잔기 또는 이들의 조합을 통해 이루어질 수 있다.

[0260] [240] 일부 구체예에서, 하나 이상의 "펩타이드 링커들"은 CD80의 vIgD 및 부가적인 IgSF 도메인 (예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인)을 연결한다. 일부 구체예에서, 펩타이드 링커는 단일 아미노산 잔기이거나 또는 더 긴 길이일 수 있다. 일부 구체예에서, 펩타이드 링커는 아미노산 잔기를 적어도 한 개 그러나 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 또는 1개 이하의 아미노산 잔기 길이로 갖는다. 일부 구체예에서, 링커는 (1-문자 아미노산 코드로서): GGGGS ("4GS") 또는 4GS 링커의 멀티머, 예컨대 2, 3, 4, 또는 5 4GS 링커들의 반복체이다. 일부 구체예에서, 펩타이드 링커는 (GGGGS)₂ 또는 (GGGGS)₃이다. 일부 구체예에서, 링커는 알려진 잔기 단독 시리즈 또는 다른 펩타이드 링커를 더 포함할 수 있다 (예컨대 4GS 링커 또는 그의 멀티머). 일부 구체예에서, 각 시리즈 내의 알려진 잔기의 수는 2, 3, 4, 5, 또는 6 알라닌이다.

[0261] [241] 일부 구체예에서, 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인들은 제1 및/또는 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인들의 N-말단 및/또는 C-말단에 삽입된 "야생형 펩타이드 링커들"에 의해 연결된다. 이들 링커들은 또한 선행 서열(leading sequences) (비-친화성 변형된 또는 친화성 변형된 IgSF 도메인에 대해 N-말단) 또는 후행 서열(trailing sequences) (비-친화성 변형된 또는 친화성 변형된 IgSF 도메인에 대해 C-말단), 및 IgSF의 Ig 폴드의 구조적 예측 바로 바깥에 분포하는 야생형 단백질 내에 존재하는 서열이라 칭해진다. 일부 구체예에서, "야생형 링커"는 야생형 단백질의 아미노산 서열 내 규정된 IgV 도메인과 같이, 시그널 서열 후, 그러나 IgSF 도메인 앞에 존재하는 아미노산 서열이다. 일부 구체예에서, "야생형" 링커는 야생형 단백질의 아미노산 서열 내에서 IgSF 도메인 다음 예컨대 규정된 IgV 도메인 바로 다음 그러나 IgC 도메인 앞에 존재하는 아미노산 서열이다. 이들 링커 서열은 이웃하는 IgSF 도메인(들)의 적절한 폴딩 및 기능에 기여할 수 있다. 일부 구체예에서, 제1 IgSF 도메인의 N-말단에 삽입된 선행 펩타이드 링커 및/또는 제1 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의 C-말단에 삽입된 후행 서열이 존재한다. 일부 구체예에서, 제2 IgSF 도메인의 N-말단에 삽입된 제2 선행 펩타이드 링커 및/또는 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의 C-말단에 삽입된 제2 후행 서열이 존재한다. 제1 및 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인들이 동일한 부모 단백질로부터 유래하고 동일한 방향으로 연결된 경우, 제1 및 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인 사이의 야생형 펩타이드 링커들은 중복되지 않는다. 예를 들어, 제1 선행 야생형 펩타이드 링커 및 제2 선행 야생형 펩타이드 링커가 동일한 경우, II형 면역조절 단백질은 제1 후행 야생형 펩타이드 링커 또는 제2 선행 야생형 펩타이드 링커를 포함하지 않는다.

[0262] [242] 일부 구체예에서, II형 면역조절 단백질은 제1 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의 N-말단에 삽입된 제1 선행 야생형 펩타이드 링커를 더 포함하는데, 여기서 제1 선행 야생형 펩타이드 링커는 제1 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 개재 서열로부터 적어도 5개 (예컨대 적어도 약 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 15개 이상)의 연속 아미노산을 부모 IgSF 도메인과 바로 직전의 도메인 (예컨대 시그널 펩타이드 또는 IgSF 도메인) 사이에 포함한다. 일부 구체예에서, 제1 선행 야생형 펩타이드 링커는 제1 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 전체 개재 서열을 부모 IgSF 도메인과 바로 직전의 도메인 (예컨대 시그널 펩타이드 또는 IgSF 도메인) 사이에 포함한다.

[0263] [243] 일부 구체예에서, II형 면역조절 단백질은 제1 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의 C-말단에 삽입된 제1 후행 야생형 펩타이드 링커를 더 포함하며, 여기서 상기 제1 후행 야생형 펩타이드 링커는 제1 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 개재 서열로부터 적어도 5개 (예컨대 적어도 약 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 15개 이상)의 연속 아미노산을 부모 IgSF 도메인과 바로 직후의 도메인 (예컨대 IgSF 도메인 또는 막관통 도메인) 사이에 포함한다. 일부 구체예에서, 제1 후행 야생형 펩타이드 링커는 제1 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 전체 개재 서열을 부모 IgSF 도메인과 바로 직후의 도메인 (예컨대 IgSF 도메인 또는 막관통 도메인) 사이에 포함한다.

[0264] [244] 일부 구체예에서, II형 면역조절 단백질은 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의

N-말단에 삽입된 제2 선행 야생형 펩타이드 링커를 더 포함하며, 여기서 제2 선행 야생형 펩타이드 링커는 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 개재 서열로부터 적어도 5개 (예컨대 적어도 약 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 15개 이상)의 연속 아미노산을 부모 IgSF 도메인과 바로 직전의 도메인 (예컨대 시그널 펩타이드 또는 IgSF 도메인) 사이에 포함한다. 일부 구체예에서, 제2 선행 야생형 펩타이드 링커는 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 전체 개재 서열을 부모 IgSF 도메인과 바로 직전의 도메인 (예컨대 시그널 펩타이드 또는 IgSF 도메인) 사이에 포함한다.

[0265] [245] 일부 구체예에서, II형 면역조절 단백질은 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인의 C-말단에 삽입된 제2 후행 야생형 펩타이드 링커를 더 포함하며, 여기서 상기 제2 후행 야생형 펩타이드 링커는 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 개재 서열로부터 적어도 5개 (예컨대 적어도 약 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 15개 이상)의 연속 아미노산을 부모 IgSF 도메인과 바로 직후의 도메인 (예컨대 IgSF 도메인 또는 막관통 도메인) 사이에 포함한다. 일부 구체예에서, 제2 후행 야생형 펩타이드 링커는 제2 비-친화성 변형된 및/또는 친화성 변형된 IgSF 도메인이 유래된 야생형 단백질 내 전체 개재 서열을 부모 IgSF 도메인과 바로 직후의 도메인 (예컨대 IgSF 도메인 또는 막관통 도메인) 사이에 포함한다.

[0266] [246] CD80 IgSF 도메인을 함유하는 II 형 단백질에 대한 예시적인 후행 서열들은, SEQ ID NO: 232에 제시된 아미노산 서열을 함유할 수 있다. CD80 IgSF 도메인을 함유하는 II 형 단백질에 대한 예시적인 후행 서열들이 SEQ ID NOS: 231, 232 및 371에 제시된다. ICOSL IgSF 도메인을 함유하는 II 형 단백질에 대한 예시적인 후행 서열들은 SEQ ID NOS: 233 및 234에 제시되어 있다. CD80 IgSF 도메인을 함유하는 II 형 단백질에 대한 예시적인 선행 및 후행 서열들은 SEQ ID NOS: 236-238에 제시되어 있다. Nkp30 IgSF 도메인을 함유하는 II형 단백질에 대한 예시적인 후행 서열은 SEQ ID NO:235에 제시되어 있다.

[0267] [247] 일부 구체예에서, CD80의 vIgD를 비롯한 2 이상의 IgSF 도메인 및 또 다른 IgSF 패밀리 멤버로부터의 1 이상의 부가적인 IgSF 도메인 (예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인)은 Fc에 연결 또는 부착되어 다이머형 멀티-도메인 적층 면역조절 단백질을 형성한다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 제2 IgSF 도메인은 Fc 서브유닛의 N-또는 C-말단에 직접 또는 간접적으로 독립적으로 연결된다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 제2 IgSF 도메인은 직접 또는 간접적으로 연결되고, 변이체 CD80 또는 제2 IgSF 도메인 중 하나 역시도 Fc 서브유닛의 N-또는 C-말단에 직접 또는 간접적으로 연결된다. 일부 구체예에서, Fc에 대한 연결은 펩타이드 링커, 예컨대 전술한 바 있는 펩타이드 링커를 통해 이루어진다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80과 제2 IgSF 도메인 간의 연결은 펩타이드 링커, 예컨대 전술한 바 있는 펩타이드 링커를 통해 이루어진다. 일부 구체예에서, CD80의 vIgD, 1 이상의 부가적인 IgSF 도메인, 및 Fc 도메인은 도 4에 도시된 바와 같이 수많은 임의의 배열들 중 어느 하나의 배열로 한데 연결될 수 있다. 예시적인 배열들이 실시예를 통해 설명된다.

[0268] [248] 일부 구체예에서, 적층된 면역조절 단백질은 2개의 적층된 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드에 의해 형성된 다이머이다. 임의의 적층된 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자도 제공된다. 일부 구체예에서, 다이머형 멀티-도메인 적층 면역조절 단백질은 세포에서 발현에 의해, 또는 일부 경우 다이머형 Fc 융합 단백질 생성과 관련하여 전술한 바와 같이, 적층 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드의 공동-발현에 의해 생성될 수 있다.

[0269] [249] 일부 구체예에서, 다이머형 멀티-도메인 적층 면역조절 단백질은 각 Fc 서브유닛에 대해 2가, 각 서브유닛에 대해 1가, 또는 하나의 서브유닛에 대해 2가 및 또 다른 하나에 대해 4가이다.

[0270] [250] 일부 구체예에서, 다이머형 멀티-도메인 적층 면역조절 단백질은 호모다이머형 멀티-도메인 적층 Fc 단백질이다. 일부 구체예에서, 다이머형 멀티-도메인 적층 면역조절 단백질은 제1 적층 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드 및 제2 적층 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드를 포함하되 여기서 제1 및 제2 폴리펩타이드는 동일한 것이다. 일부 구체예에서, 폴리펩타이드의 Fc 부분은 전술한 바와 같은 임의의 Fc일 수 있다.

[0271] [251] 일부 구체예에서, 멀티-도메인 적층 분자는 2개의 상이한 Fc 폴리펩타이드들을 포함하는 헤테로다이머로서 여기서 이들 폴리펩타이드들 중 적어도 하나는 적어도 하나의 변이체 CD80 폴리펩타이드 및/또는 적어도 하나의 제2 IgSF 도메인 (예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인)을 함유하는 Fc 폴리펩타이드이다. 일부 구체예에서, 멀티-도메인 적층 분자는 변이체 CD80 및 제2 IgSF 도메인을 함유하는 제1 Fc 폴리펩타이드 및 변이체 CD80 및 제2 IgSF 도메인을 함유하는 제2 Fc 폴리펩타이드를 함유한다. 일부 구체예에서, 멀티-도메인 적층 분자는 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 제2 IgSF 도메인을 함유하는 제1 Fc 폴리펩타이드 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 제2 IgSF 도메인에 연결되지 않은 제2 Fc 폴리펩타이드를 함유한다.

- [0272] [252] 일부 구체예에서, 멀티-도메인 적층 분자는 1, 2, 3, 4개 또는 그 이상의 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 1, 2, 3, 4개 또는 그 이상의 제2 IgSF 도메인을 함유하는 제1 Fc 폴리펩타이드를 함유하되, 여기서 제1 적층 Fc 폴리펩타이드 내 IgSF 도메인의 총 개수는 2, 3, 4, 5, 6개 이상 보다 많다. 이러한 구체예의 일례에서, 제2 적층 Fc 폴리펩타이드는 1, 2, 3, 4개 또는 그 이상의 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 1, 2, 3, 4개 또는 그 이상의 제2 IgSF 도메인을 함유하되, 여기서 제1 적층 Fc 폴리펩타이드 내 IgSF 도메인의 총 개수는 2, 3, 4, 5, 6개 이상 보다 많다. 이러한 구체예들의 또 다른 예에서, 제2 Fc 폴리펩타이드는 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 제2 IgSF 도메인에 연결되지 않는다
- [0273] [253] 일부 구체예에서, 헤테로다имер 적층 분자는 제1 적층 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드 및 제2 적층 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드를 함유하되 여기서 상기 제1 및 제2 폴리펩타이드는 상이한 것들이다. 일부 구체예에서, 헤테로다имер 적층 분자는 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드 및/또는 제2 IgSF 도메인 (예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인)을 함유하는 제1 Fc 서브유닛 및 또 다른 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 제2 IgSF 도메인을 함유하는 제2 Fc 서브유닛을 함유한다. 일부 구체예에서, 헤테로다имер 적층 분자는 제1 적층 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드 및 제2 적층 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드를 함유하되 여기서 상기 제1 및 제2 폴리펩타이드는 상이한 것들이다. 일부 구체예에서, 헤테로다имер 적층 분자는 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드 및/또는 제2 IgSF 도메인 (예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인)을 함유하는 제1 Fc 서브유닛 및 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드와 제2 IgSF 도메인 (예컨대 제2 변이체 IgSF 도메인) 두 가지를 모두 함유하되 제1 Fc 서브유닛과는 다른 배향 또는 배열로 함유하는 제2 Fc 서브유닛을 함유한다.
- [0274] [254] 일부 구체예에서, 제1 및 제2 적층된 면역조절 Fc 융합 폴리펩타이드 중 하나 또는 두 가지 모두의 Fc 도메인은, Fc 분자의 인터페이스가 헤테로다имер화를 용이화 및/또는 촉진하도록 변형되는 변형(예컨대 치환)을 포함한다. 일부 구체예에서, 변형은 돌출부(손잡이: knob)의 제1 Fc 폴리펩타이드로의 도입 및 공동(구멍: hole)의 제2 폴리펩타이드로의 도입을 포함함으로써 해서 상기 돌출부가 공동 내에 위치가능하게 되어 제1 및 제2 Fc-함유 폴리펩타이드의 복합체 형성을 촉진시키는 것이다. 폴리펩타이드에서 돌출부 또는 공동을 생성하기 위한 치환 및/또는 변형을 목표하는 아미노산은 전형적으로 제2 폴리펩타이드의 인터페이스에서 하나 이상의 아미노산과 상호작용하거나 접촉하는 인터페이스 아미노산이다.
- [0275] [255] 일부 구체예에서, 돌출부(구멍) 아미노산을 함유하도록 변형된 제1 폴리펩타이드는 제1 폴리펩타이드의 인터페이스로부터 돌출된 적어도 하나의 측쇄를 갖는 아미노산으로 천연 또는 오리지널 아미노산이 치환됨으로써 해서 제2 폴리펩타이드의 인접 인터페이스내의 상보적인 공동(구멍)에 위치가능하다. 가장 흔하게는, 치환 아미노산은 오리지널 아미노산 잔기보다 더 큰 측쇄 부피를 갖는 것이다. 통상의 기술자라면 돌출부 형성을 위한 이상적인 치환 아미노산을 동정하기 위한 아미노산 잔기의 특성을 결정 및/또는 평가하는 방법을 알 것이다. 일부 구체예에서, 돌출부 형성을 위한 치환 잔기는 자연발생적인 아미노산 잔기이며 예컨대 아르기닌 (R), 페닐알라닌 (F), 티로신 (Y), 또는 트립토판 (W)을 들 수 있다. 일부 사례에서, 치환을 위해 동정된 오리지널 잔기는 예를 들어, 알라닌, 아스파라긴s, 아스파르트산, 글리신, 세린, 트레오닌, 또는 발린과 같이, 소형 측쇄를 갖는 아미노산 잔기이다.
- [0276] [256] 일부 구체예에서, 공동(구멍)을 함유하도록 변형된 제2 폴리펩타이드는 그 제2 폴리펩타이드의 인터페이스로부터 리세스된 적어도 하나의 측쇄를 갖는 아미노산에 의해 천연 또는 오리지널 아미노산이 치환되어 제1 폴리펩타이드의 인터페이스로부터의 대응하는 돌출부를 수용할 수 있는 것이다. 가장 흔하게는, 이러한 치환 아미노산은 오리지널 아미노산 잔기보다 더 작은 측쇄 부피를 갖는 것이다. 통상의 기술자라면 공동 형성을 위한 이상적인 치환 잔기를 동정하기 위해 아미노산 잔기를 어떻게 결정 및/또는 평가하는지 알 것이다. 일반적으로, 공동 형성을 위한 치환 잔기는 자연발생적인 아미노산이고, 여기에는 예를 들어 알라닌 (A), 세린 (S), 트레오닌 (T) 및 발린 (V)이 포함된다. 일부 사례에서, 치환을 위해 동정된 오리지널 아미노산은 예를 들어, 티로신, 아르기닌, 페닐알라닌, 또는 트립토판과 같은 대형 측쇄를 갖는 아미노산이다.
- [0277] [257] 인간 IgG1의 CH3 인터페이스는, 예를 들어, 각 표면으로부터 1090A2 문헌 4개의 역평행 β -가닥 상에 위치한 각 도메인 상에 16 개의 잔기를 포함한다 (예컨대, 참조: Deisenhofer 외 (1981) Biochemistry, 20:2361-2370; Miller 외, (1990) J Mol. Biol., 216, 965-973; Ridgway 외, (1996) Prot. Engin., 9: 617-621; 미국특허 No. 5,731,168). 돌출부 또는 공동을 생성하기 위한 CH3 도메인의 생성에 대해서는 예를 들어, 미국특허 No. 5,731,168; 국제특허출원 WO98/50431 및 WO 2005/063816; 및 Ridgway 외, (1996) Prot. Engin., 9: 617-621에 설명되어 있다. 일부 사례에서, 돌출부 또는 공동을 생성하기 위한 CH3 도메인의 변형은 2개의 중심 역평행 β -가닥 상에 위치한 잔기에 표적화된다. 그 목적은 생성된 돌출부가 파트너 CH3 도메인의 보상성 공동 (compensatory cavity)에 의해 수용되기보다는 주변 용매로 돌출됨으로써 수용될 수 있는 위험을 최

소화하는 것이다.

[0278] [258] 일부 구체예에서, 헤테로다имер 분자는 "손잡이 사슬(knobs chain)"의 CH3 도메인 내에 T366W 돌연변이를, 그리고 "구멍 사슬(hole chain)"의 CH3 도메인에는 T366S, L368A, Y407V 돌연변이를 함유한다. 일부 경우에서, 예컨대 Y349C 돌연변이를 "손잡이" 또는 "구멍" 사슬 내로 도입하거나 또는 E356C 돌연변이 또는 S354C 돌연변이를 또 다른 사슬의 CH3 도메인 내로 도입함으로써 이들 CH3 도메인들 간의 부가적인 사슬간 다이설파이드 다리 역시도 사용될 수 있다 (Merchant, A. M., 외, Nature Biotech. 16 (1998) 677-681). 일부 구체예에서, 헤테로다имер 분자는 두 개의 CH3 도메인 중 하나에 S354C, T366W 돌연변이를, 그리고 두 개의 CH3 도메인 중 다른 하나에 Y349C, T366S, L368A, Y407V 돌연변이를 함유한다. 일부 구체예에서, 헤테로다имер 분자는 두 개의 CH3 도메인 중 하나에 E356C, T366W 돌연변이를, 그리고 두 개의 CH3 도메인 중 다른 하나에 Y349C, T366S, L368A, Y407V 돌연변이를 포함한다. 일부 구체예에서, 헤테로다имер 분자는 두 개의 CH3 도메인 중 하나에 Y349C, T366W 돌연변이를, 그리고 두 개의 CH3 도메인 중 다른 하나에 E356C, T366S, L368A, Y407V 돌연변이를 포함한다. 일부 구체예에서, 헤테로다имер 분자는 두 개의 CH3 도메인 중 하나에 Y349C, T366W 돌연변이를, 그리고 두 개의 CH3 도메인 중 다른 하나에 S354C, T366S, L368A, Y407V 돌연변이를 포함한다. 그 밖의 손잡이에 구멍(knobs-in-holes) 기술이 예컨대 EP 1 870 459 A1에 설명되어 있다.

[0279] [259] 일부 구체예에서, 헤테로다имер 분자의 Fc 서브유닛들은 전술한 것과 같은 하나 이상의 다른 Fc 돌연변이를 부가적으로 함유할 수 있다. 일부 구체예에서, 헤테로다имер 분자는 이펙터 기능을 감소시키는 돌연변이를 갖는 Fc 서브유닛을 함유한다.

[0280] [260] 일부 구체예에서, CH3 돌출부/공동 변형을 함유하는 Fc 변이체는 적층된 면역조절 폴리펩타이드의 어디에든, 그러나 일반적으로는 그의 N-또는 C-말단을 통해 제1 및/또는 제2 적층된 면역조절 폴리펩타이드의 N-또는 C-말단에 결합되어 예컨대 융합 폴리펩타이드를 형성할 수 있다. 이러한 연결은 직접적이거나 또는 링커를 경유한 간접적인 것일 수 있다. 일반적으로, 손잡이 및 구멍 분자는 CH3 돌출부 변형(들)을 함유하는 Fc 변이체에 연결된 제1 적층 면역조절 폴리펩타이드와 CH3 공동 변형(들)을 함유하는 Fc 변이체에 연결된 제2 적층 면역조절 폴리펩타이드의 공동-발현에 의해 생성된다.

[0281] C. 변이체 폴리펩타이드 및 면역조절 단백질의 컨주게이트 및 융합체

[0282] [261] 일부 구체예에서, 본 발명에서 제공된 IgSF 패밀리의 Ig 도메인의 변이체 (vIgD)를 포함하는 면역조절 단백질인, 변이체 폴리펩타이드는, 이펙터 모이어티와 같은 모이어티, 예컨대 또 다른 단백질과 직접 또는 간접적으로 컨주게이트 또는 융합되어 컨주게이트 ("IgSF 컨주게이트")를 형성할 수 있다. 일부 구체예에서, 이러한 부착은 공유적이거나 또는 바이오틴-스트렙타비딘 비공유 상호작용을 통한 비공유적일 수 있다. CD80-Fc 변이체 융합의 일부 구체예에서 전술한 컨주게이트들 중 어느 하나 또는 2 이상의 조합이 Fc에 또는 변이체 CD80 폴리펩타이드에 또는 두 가지 모두에 부착될 수 있다.

[0283] [262] 일부 구체예에서, 상기 모이어티는 표적화 모이어티, 소분자 약물 (500 달톤 몰 질량 미만의 비-폴리펩타이드 약물), 독소, 세포증식 억제제, 세포독성 물질, 면역억제제, 진단 목적에 적합한 방사능 물질, 치료 목적의 방사능 금속 이온, 전구약물-활성화 효소, 생물학적 반감기를 증가시키는 물질, 또는 진단 물질 또는 검출 가능한 물질일 수 있다.

[0284] [263] 일부 구체예에서 이펙터 모이어티는 치료제, 예컨대 세포독성, 세포증식억제 또는 그 밖에 어떤 치료적 이점을 제공하는 암 치료제이다. 일부 구체예에서, 이펙터 모이어티는 세포 표면 항원, 예컨대 종양 세포 표면의 항원을 표적화하는 물질과 같은 표적화 모이어티 또는 물질이다. 일부 구체예에서, 이펙터 모이어티는 검출 가능한 시그널을 직접 또는 간접적으로 생성할 수 있는 표지이다. 일부 구체예에서, 이펙터 모이어티는 독소이다. 일부 구체예에서, 이펙터 모이어티는 단백질, 펩타이드, 핵산, 소분자 또는 나노입자이다.

[0285] [264] 일부 구체예에서, 동일하거나 상이할 수 있는 1, 2, 3, 4, 5개 또는 그 이상의 이펙터 모이어티들이 변이체 폴리펩타이드 또는 단백질에 컨주게이트, 연결 또는 융합되어 IgSF 컨주게이트를 형성한다. 일부 구체예에서, 이러한 이펙터 모이어티들은 공지기술 및 후술되는 다양한 분자생물학적 또는 화학적 컨주게이션 및 결합 방법을 이용함으로써 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질에 부착될 수 있다. 일부 구체예에서, 링커들 예컨대 펩타이드 링커들, 절단가능 링커들, 비-절단가능 링커들 또는 컨주게이션 반응에 도움이 되는 링커들을 이용하여 이펙터 모이어티들을 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질에 연결 또는 컨주게이트시킬 수 있다.

[0286] [265] 일부 구체예에서, IgSF 컨주게이트는 다음 성분들: (단백질 또는 폴리펩타이드), (L)_q 및 (이펙터 모이어

티)_m을 포함하되 여기서, 상기 단백질 또는 폴리펩타이드는 설명된 바와 같은 하나 이상의 동족 카운터 구조 리간드와 결합할 수 있는 임의의 설명된 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질이고; L은 단백질 또는 폴리펩타이드를 모이어티에 연결하기 위한 링커; m은 적어도 1; q는 0 또는 그 이상이며; 결과적인 IgSF 컨주게이트는 하나 이상의 카운터 구조 리간드에 결합하는 것이다. 특정 구체예에서, m은 1 내지 4이고 q는 0 내지 8이다.

[0287]

[266] 일부 구체예에서, 예를 들어 변이체 폴리 펩타이드 또는 면역조절 단백질을 특정 세포에 표적화 전달하기 위해, 세포 표면 분자에 결합하는 표적화 물질과 컨주게이션된, 본 발명에서 제공되는 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 포함하는 IgSF 컨주게이트가 제공된다. 일부 구체예에서, 표적화 물질은 대상자 내 정상 세포/조직 및/또는 종양 세포/종양 상에 존재하는 분자를 위치 결정하고 이에 결합하는 능력을 갖는 분자(들)이다. 달리 설명해서, 표적화 물질을 포함하는 IgSF 컨주게이트는 종양 세포와 같은 세포 상에 존재하는, 리간드에 (직접 또는 간접적으로) 결합할 수 있다. 사용이 고려되는 본 발명의 표적화 물질에는 표적 세포 또는 분자의 성분에 결합할 수 있는 항체, 폴리펩타이드, 펩타이드, 압타머, 기타 리간드, 또는 이들의 조합이 포함된다.

[0288]

[267] 일부 구체예에서, 표적화 물질은 대상자에게 투여된 후 종양 세포(들)에 결합하거나 종양 세포(들) 부근 (예를 들어, 종양 혈관계 또는 종양 미세 환경)에 결합 할 수 있다. 표적화 물질은 암세포 표면의 수용체 또는 리간드에 결합할 수 있다. 본 발명의 또 다른 측면에서, 비암성 세포 또는 조직에 특이적인 표적화 물질이 선택 된다. 본 발명의 또 다른 측면에서, 예를 들어, 표적화 물질은 특정 세포 또는 조직에 보통 존재하는 분자에 특이적일 수 있다. 또한, 일부 구체예에서, 동일한 분자가 정상 세포 및 암 세포에 존재할 수 있다. 다양한 세포 성분 및 분자가 알려져 있다. 예를 들어, 만일 표적화 물질이 EGFR에 특이적일 경우, 결과적인 IgSF 컨주게이트는 EGFR을 발현하는 정상적인 피부 표피 세포뿐만 아니라, EGFR을 발현하는 발현하는 표적 암 세포도 표적할 수 있다. 그러므로, 일부 구체예에서, 본 발명의 IgSF 컨주게이트는 2 개의 별도 메카니즘(표적화 암세포 및 비-암 세포)에 의해 작동가능하다.

[0289]

[268] 본 발명의 다양한 측면에서, 본 발명의 IgSF 컨주게이트는 세포 성분, 예컨대 종양 항원, 세균 항원, 바이러스 항원, 미코플라스마 항원, 진균 항원, 프리온 항원, 기생충으로부터의 항원에 결합/표적화할 수 있는 표적화 물질을 포함한다. 일부 측면에서, 세포 성분, 항원 또는 분자는 각각 표적화 물질에 대한 소망되는 표적을 의미하는 것으로 사용될 수 있다. 예를 들어, 다양한 구체예에서, 표적화 물질은 비제한적인 예로서 하기에 예시된 성분들, 즉: 성장 인자 수용체 (EGFR, ErbB-1, HER1), ErbB-2 (HER2/neu), ErbB-3/HER3, ErbB-4/HER4, EGFR 리간드 패밀리; 인슐린-유사 성장 인자 수용체 (IGFR) 패밀리, IGF-결합 단백질s (IGFBPs), IGFR 리간드 패밀리; 혈소판 유도된 성장 인자 수용체 (PDGFR) 패밀리, PDGFR 리간드 패밀리; 섬유아세포 성장 인자 수용체 (FGFR) 패밀리, FGFR 리간드 패밀리, 혈관내피 성장 인자 수용체 (VEGFR) 패밀리, VEGF 패밀리; HGF 수용체 패밀리; TRK 수용체 패밀리; 에프린 (EPH) 수용체 패밀리; AXL 수용체 패밀리; 백혈구 티로신 키나아제 (LTK) 수용체 패밀리; TIE 수용체 패밀리, 안지오프이에틴 1,2; 수용체 티로신 키나아제-유사 오피온 수용체 (ROR) 수용체 패밀리, 예컨대 ROR1; CD171 (L1CAM); B7-H6 (NCR3LG1); PD-L1, 종양 글리코실화 항원, 예컨대 sTn 또는 Tn, 예컨대 MUC1의 sTn Ag; LHR (LHCGR); 포스포타타르세린, 디스코이딘 도메인 수용체 (DDR) 패밀리; RET 수용체 패밀리; KLG 수용체 패밀리; RYK 수용체 패밀리; MuSK 수용체 패밀리; 트랜스포닝 성장 인자- α (TGF- α) 수용체, TGF- β ; 사이토카인 수용체, 클래스 I (헤마토포이에틴 패밀리) 및 Class II (인터페론/IL-10 패밀리) 수용체, 종양괴사인자 (TNF) 수용체 수퍼패밀리 (TNFRSF), 사멸 수용체 패밀리; 고환암 (CT) 항원, 계통-특이 항원, 분화 항원, 알파-액티닌-4, ARTC1, 브레이크포인 클러스터 영역-아벨손 (Bcr-ab1) 융합 산물, B-RAF, 카스파제-5 (CASP-5), 카스파제-8 (CASP-8), β -카테닌 (CTNNB1), 세포 분열주기 27 (CDC27), 사이클린-의존성 키나아제 4 (CDK4), CDKN2A, COA-I, dek-can 융합 단백질, EFTUD-2, 연장 인자 2 (ELF2), Ets 변이체 유전자 6/급성 골수성 백혈병 1 유전자 ETS (ETC6-AML1) 융합 단백질, 피브로넥틴(FN), 예컨대 피브로넥틴의 엑스트라도메인 A (EDA), GPNMB, 저밀도 지질수용체/GDP-L 푸코스: β -D갈락토스 2- α -L푸코실트랜스퍼라제 (LDLR/FUT) 융합 단백질, HLA-A2. HLA-A2 유전자 내 α 2-도메인의 α -헬릭스의 잔기 170에서의 아르기닌에서 이소류신으로의 교환 (HLA-A*201-R170I), HLA-A1 1, 열충격 단백질 70-2 돌연변이된 (HSP70-2M), K1AA0205, MART2, 유비퀴틴 돌연변이 흑색종 1, 2, 3 (MUM-I, 2, 3), 전립선 산 포스포타타제(PAP), 네오-PAP, 미오신 클래스 I, NFYC, OGT, OS-9, pml-RAR알파 융합 단백질, PRDX5, PTPRK, K-ras (KRAS2), N-ras (NRAS), HRAS, RBAF600, SIRT2, SNRPD1, SYT-SSX1 또는-SSX2 융합 단백질, 트리오포스포에이트 이소머라제, BAGE, BAGK-1, BAGE-2,3,4,5, GAGE-1,2,3,4,5,6,7,8, GnT-V (이상 N-아세틸 글루코사미닐 트랜스퍼라제 V, MGAT5), HERV-K-MEL, KK-LC, KM-HN-I, LAGE, LAGE-I, 흑색종 상의 CTL-인식된 항원 (CAMEL), MAGE-A1 (MAGE-I), MAGE-A2, MAGE-A3, MAGE-A4, MAGE-A5, MAGE-A6, MAGE-A8, MAGE-A9, MAGE-A10, MAGE-AI 1, MAGE-A12, MAGE-3, MAGE-B1, MAGE-B2, MAGE-B5, MAGE-B6, MAGE-C1, MAGE-C2, 뮤신 1 (MUC1), MART-1/Melan-A (MLANA), gp100, gp100/ Pmel17 (SILV), 티로시나제

(TYR), TRP-I, HAGE, NA-88, NY-ESO-I, NY-ESO-1/LAGE-2, SAGE, Sp17, SSX-1,2,3,4, TRP2-INT2, 배아 암종 항원 (CEA), 칼리크레인 4, 포유글로빈-A(mammaglobin-A), OAl, 전립선 특이 항원 (PSA), TRP-1/ gp75, TRP-2, 아디포필린, 흑색종 2에 부재하는 인터페론 유도성 단백질 (AIM-2), BING-4, CPSF, 사이클린 D1, 상피 세포 부착 분자 (Ep-CAM), EphA3, 섬유아세포 성장 인자-5 (FGF-5), 당단백질 250 (gp250), EGFR (ERBB1), HER-2/neu (ERBB2), 인터튜킨 13 수용체 $\alpha 2$ 사슬 (IL13R $\alpha 2$), IL-6 수용체, 장내 카르복실 에스테라제 (iCE), 알파-피토 (feto) 단백질 (AFP), M-CSF, mdm-2, MUC1, p53 (TP53), PBF, PRAME, PSMA, RAGE-I, RNF43, RU2AS, SOX10, STEAP1, 서바이빈 (BIRC5), 인간 텔로머라제 역전사효소(hTERT), 텔로머라제, 윌름 종양 유전자(WT1), SYCP1, BRDT, SPANX, XAGE, ADAM2, PAGE-5, LIP1, CTAGE-I, CSAGE, MMA1, CAGE, BORIS, HOM-TES-85, AF15q14, HCA661, LDHC, MORC, SGY-I, SPO1 1, TPX1, NY-SAR-35, FTHL17, NXF2, TDRD1, TEX15, FATE, TPTE, 면역글로불린 이디오타입, Bence-Jones 단백질, 에스트로겐 수용체 (ER), 안드로겐 수용체 (AR), CD40, CD30, CD20, CD19, CD33, 암 항원 72-4 (CA 72-4), 암 항원 15-3 (CA 15-3), 암 항원 27-29 (CA 27-29), 암 항원 125 (CA 125), 암 항원 19-9 (CA 19-9), β -인간 융모성 고나도트로핀, β -2 마이크로글로불린, 편평세포 암종항원, 뉴런-특이적 에놀라제, 열충격 단백질 gp96, GM2, 사르그라마스틴(sargramostim), CTLA-4, 707 알라닌 프롤린 (707-AP), T 세포 4에 의해 인식된 선암종 항원 (ART-4), 암배아 항원 캡타이드-1 (CAP-I), 칼슘-활성화된 클로라이드 채널-2 (CLCA2), 사이클로필린 B (Cyp-B), 인간 인장 고리 종양(signet ring tumor)-2 (HST-2), 인간 유두종 바이러스 (HPV) 단백질 (HPV-E6, HPV-E7, 메이저 또는 마이너 캡시드 항원, 기타), 엡스타인-바 바이러스 (EBV) 단백질 (EBV 잠재 막 단백질-LMP1, LMP2; 기타), B형 또는 C형 간염 바이러스 단백질, 및 HIV 단백질에 특이적이거나 또는 이들 성분들과 결합한다.

[0290] [269] 일부 구체예에서, IgSF 컨쥬게이트는 그의 표적화 물질을 통해, 종양 세포, 종양 혈관계 또는 종양 미세환경의 세포 성분과 결합함으로써, 면역반응의 조절(예컨대 (예컨대, 공동-자극 분자의 활성화 또는 면역 세포 활성화 네거티브 조절 분자의 억제에 의함), 생존 시그널 (예컨대, 성장 인자 또는 사이토카인 또는 호르몬 수용체 길항제)의 억제, 사멸 시그널 및/또는 예컨대 항체 의존성 세포성 세포독성을 통한 면역-매개된 세포독성의 활성화를 통해 표적화된 세포의 살해를 촉진한다. 이러한 IgSF 컨쥬게이트는 IgSF 컨쥬게이트의 수용체-매개 엔도시토시스 를 통해 종양 표적에 컨쥬게이트된 이펙터 모이어티의 전달을 용이하게하는 것과 같이 종양 세포를 예방, 감소 또는 제거하기 위한 몇 가지 메카니즘을 통해 기능하거나; 또는 이러한 컨쥬게이트는 면역 세포 (예를 들어, NK 세포, 단핵 세포/대식세포, 수지상 세포, T 세포, B 세포)를 모집하고, 결합시키고, 및/또는 활성화시킬 수 있다. 또한, 어떤 경우에는 상기 경로 중 하나 이상이 본 발명의 하나 이상의 IgSF 컨쥬게이트의 투여시 작용할 수 있다.

[0291] [270] 일부 구체예에서, IgSF 컨쥬게이트는, 그의 표적화 물질을 통해, 종양 세포, 종양 혈관계 또는 종양 미세환경의 세포 성분과 결합하는 등 국소화함으로써, 종양 근방에서 면역반응의 세포들을 조절한다. 일부 구체예에서, 표적화 물질은 종양 표적에 대한 컨쥬게이트된 IgSF (예컨대 vIgD)의 전달을 용이화시켜, 그의 동족 결합 파트너와 상호작용하여 동족 결합 파트너를 산생하는 면역 세포 (예를 들어, NK 세포, 단핵구/대식세포, 수지상 세포, T 세포)의 시그널링을 변경시킨다. 일부 구체예에서, 국소화된 전달은 CD28 또는 ICOS를 통한 공동자극 시그널링을 배개한다.

[0292] [271] 일부 구체예에서, 표적화 물질은 면역글로불린이다. 본 발명에서, 용어 "면역글로불린"은 천연 또는 인공의 일가 또는 다가 항체를 포함하며, 이의 비제한적인 예로는 폴리클로날, 모노클로날, 다중특이, 인간, 인간화 또는 키메라 항체, 단일 사슬 항체, Fab 단편, F(ab') 단편, Fab 발현 라이브러리에 의해 생성된 단편, 단일 사슬 Fv (scFv); 항-이디오타입 (항-Id) 항체, (예컨대, 본 발명 항체에 대한 항-Id 항체를 포함한다), 및 전술한 임의의 것의 에피토프-결합 단편을 들 수 있다. 본 명세서에서 "항체"라 함은 면역글로불린 분자 및 면역글로불린 분자의 면역학적 활성 부분, 예컨대, 항원에 면역특이적으로 결합하는 항원 결합 부위를 함유하는 분자를 가리킨다. 본 발명의 면역글로불린 분자는 면역글로불린 분자의 임의의 종류(예컨대, IgG, IgE, IgM, IgD, IgA, 및 IgY), 클래스 (예컨대, IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgA1, 및 IgA2) 또는 서브클래스일 수 있다.

[0293] [272] 일부 구체예에서, 그의 항체 표적화 모이어티를 통한 IgSF 컨쥬게이트는 종양 세포, 종양 혈관계 또는 종양 미세환경의 세포 성분과 결합함으로써, 면역반응의 조절(예컨대 (예컨대, 공동-자극 분자의 활성화 또는 면역 세포 활성화 네거티브 조절 분자의 억제에 의함), 생존 시그널 (예컨대, 성장 인자 또는 사이토카인 또는 호르몬 수용체 길항제)의 억제, 사멸 시그널 및/또는 예컨대 항체 의존성 세포성 세포독성을 통한 면역-매개된 세포독성의 활성화를 통해 표적화된 세포의 세포자멸사를 촉진한다. 이러한 IgSF 컨쥬게이트는 예컨대 IgSF 컨쥬게이트의 수용체-매개 엔도시토시스를 통해 종양 표적에 컨쥬게이트된 이펙터 모이어티의 전달을 용이하게하는 것과 같이 종양 세포를 예방, 감소 또는 제거하기 위한 몇 가지 메카니즘을 통해 기능하거나; 또는 이러한 컨쥬

게이트는 면역 세포 (예를 들어, NK 세포, 단핵 세포/대식세포, 수지상 세포, T 세포, B 세포)를 모집하고, 결합시키고, 및/또는 활성화시킬 수 있다.

[0294] [273] 일부 구체예에서, IgSF 컨주게이트는, 그의 항체 표적화 모이어티를 통해, 종양 세포, 종양 혈관계 또는 종양 미세환경의 세포 성분에 결합함으로써 면역 반응을 조절할 것이다(예컨대, 공동-자극 분자의 활성화 또는 면역 세포 활성화의 네거티브 조절 분자의 억제에 의함). 일부 구체예에서, 이러한 컨주게이트는 면역 세포 (예컨대 NK 세포, 단핵구/대식세포, 수지상 세포, T 세포, B 세포)를 인식, 결합 및/또는 조절(예컨대 억제 또는 활성화)할 수 있다.

[0295] [274] 본 발명의 항체 표적화 모이어티들은 비제한적인 예로서 Fab, Fab' 및 F(ab')₂, Fd, 단일-사슬 Fvs (scFv), 단일-사슬 항체, 다이설파이드-연결된 Fvs (sdFv) 및 VL 또는 VH 도메인을 포함하는 단편을 포함한다. 단일-사슬 항체를 비롯한 항원-결합 항체 단편은, 가변 영역(들)을 단독으로 또는 다음의 것들 전체 또는 일부와의 조합으로서 포함할 수 있다: 힌지 영역, CH1, CH2, 및 CH3 도메인. 또한 본 발명에는 힌지 영역, CH1, CH2, 및 CH3 도메인과 가변 영역(들)과의 임의의 조합 역시도 포함하는 항원-결합 단편도 포함된다. 또한 본 발명에는 Fc 단편, 항원-Fc 융합 단백질, 및 Fc-표적화 모이어티 컨주게이트 또는 융합 산물 (Fc-펩타이드, Fc-압타머)도 제공된다. 본 발명의 항체 표적화 모이어티들은 조류 및 포유동물을 비롯한 임의의 동물로부터 기원할 수 있다. 일 측면에서, 항체 표적화 모이어티들은 인간, 쥐(예컨대, 마우스 및 래트), 당나귀, 양, 토끼, 염소, 기니피그, 낙타, 말 또는 닭의 것일 수 있다. 또한 이러한 항체들은 동물 항체의 인간화 버전일 수 있다. 본 발명의 항체 표적화 모이어티들은 단일특이, 이중특이, 삼중특이 또는 그 보다 더 많은 멀티특이적일 수 있다.

[0296] [275] 다양한 구체예에서, 항체/표적화 모이어티는 Fc (항체 내)와 Fc 수용체 (면역 세포 상) 간의 상호작용을 통해 그리고 본 발명에서 제공된 면역조절 단백질 또는 컨주게이트된 변이체 폴리펩타이드를 통해 면역 세포 (예컨대 NK 세포, 단핵구/대식세포, 수지상 세포)를 모집, 결합 및/또는 활성화시킨다. 일부 구체예에서, 항체/표적화 모이어티는 종양 물질을 인식 또는 결합하여 본 발명에 제공된 컨주게이트된 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 종양 세포에 국소화하여 종양 근방의 면역 세포를 조절하는 것을 용이하게 한다.

[0297] [276] IgSF 컨주게이트에 통합될 수 있는 항체들의 비제한적인 예로는 세록시맵 (IMC-C225; Erbitux®), 트라스투주맵(Herceptin®), 리투시맵(Rituxan®; MabThera®), 베바시주맵(Avastin®), 알렘투주맵(Campath®; Campath-1H®; Mabcampath®), 파니투무맵(ABX-EGF; Vectibix®), 라니비주맵(Lucentis®), 이브리투모맵, 이브리투모맵 티옥세탄, (Zevalin®), 토시투모맵, 요오드 I 131 토시투모맵 (BEXXAR®), 카투막소맵(Removab®), 겐투주맵, 겐투주맵 오조가미신(Mylotarg®), 아바타셉트(CTLA-4-Ig; Orencia®), 벨라타셉트(L104EA29YIg; LEA29Y; LEA), 이필리무맵(MDX-010; MDX-101), 트레멜리무맵 (티실리무맵; CP-675,206), PRS-010, PRS-050, 아플리베르셉트(VEGF Trap, AVE005), 벨로식시맵(M200), F200, MORAb-009, SS1P (CAT-5001), 시주투무맵 (IMC-A12), 마투주맵(EMD72000), 니모투주맵 (h-R3), 잘루투무맵(HuMax-EGFR), 네시투무맵 IMC-11F8, mAb806 / ch806, Sym004, mAb-425, 파노렉스로 이루어진 군으로부터 선택되는 (17-1A) (쥐의 모노클로날 항체); 파노렉스로 이루어진 군으로부터 선택되는 (17-1A) (키메라 쥐 모노클로날 항체); IDEC-Y2B8 (쥐의, 항-CD20 MAb); BEC2 (항-이디오타입 MAb, GD 에피토프를 모방) (BCG와 함께);온콜림(Lym-1 모노클로날 항체); SMART MI95 Ab, 인간화 13' I LYM-I (Oncolym), 오바렉스 (B43.13, 항-이디오타입 마우스 MAb); MDX-210 (인간화 항-HER-2 이중특이 항체); 선암종 상의 EGP40 (17-1A) 전이암(pancarcinoma) 항원에 결합하는 3622W94 MAb; 항-VEGF, 제나팍스(SMART 항-Tac (IL-2 수용체); SMART MI95 Ab, 인간화 Ab, 인간화됨); MDX-210 (인간화 항-HER-2 이중특이 항체); MDX-447 (인간화 항-EGF 수용체 이중특이 항체); NovoMAb-G2 (전이암 특이 Ab); TNT (히스톤 항원에 대한 키메라 MAb); TNT (히스톤 항원에 대한 키메라 MAb); 글리오맵-H (모노클론 s-인간화 Abs); GNI-250 MAb; EMD-72000 (키메라-EGF 길항제); LymphoCide (인간화 LL2 항체); 및 MDX-260 이중특이, 표적 GD-2, ANA Ab, SMART ID10 Ab, SMART ABL 364 Ab 또는 ImmurAIT-CEA를 들 수 있다. 전술한 목록에 의해 설명되는 바와 같이, 특정 표적 에피토프에 대한 항체를 만드는 것이 통상적이다.

[0298] [277] 일부 구체예에서, 항체 표적화 모이어티는 전장 항체, 또는 Fc 도메인을 함유하는 그의 항원-결합 단편이다. 일부 구체예에서, 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 항체의 Fc 부분의 N-말단에 대한 컨주게이션에 의한 것과 같이, 항체 표적화 모이어티의 Fc 부분에 대해 컨주게이트된다.

[0299] [278] 일부 구체예에서, vIgD는 항체의 경쇄 및/또는 중쇄의 N-또는 C-말단에 직접 또는 간접적으로 연결된다. 일부 구체예에서, 연결은 펩타이드 링커를 경유하여, 예컨대 전술한 임의의 방법에 의해 수행가능하다. 도 6A-6C는 예시적인 배열을 나타낸다. 일부 구체예에서, 항체 컨주게이트는 세포 내 항체의 중쇄 및 경쇄의 공동-발현에 의해 생산될 수 있다.

- [0300] [279] 본 발명의 일 측면에서, 표적화 물질은 압타머 분자이다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 압타머는 표적화 물질로서 기능하는 핵산을 포함한다. 다양한 구체예에서 본 발명의 IgSF 컨주게이트는 종양 세포, 종양 혈관계, 및/또는 종양 미세환경 상의 분자에 특이적인 압타머를 포함한다. 일부 구체예에서, 압타머 자체는 표적화 모듈(서열)에 더해, 생물학적 활성 서열을 포함할 수 있고, 여기서 상기 생물학적 활성 서열은 표적 세포에 면역 반응을 유도할 수 있다. 달리 설명하면, 이러한 압타머 분자는 이중 용도 물질이다. 일부 구체예에서, 본 발명의 IgSF 컨주게이트는 항체에 대한 압타머의 컨주게이트를 포함하며 여기서 상기 압타머 및 항체는 종양 세포, 종양 혈관계, 종양 미세환경 상의 분리된 분자, 및/또는 면역 세포에 대한 결합에 특이적이다
- [0301] [280] 용어 "압타머"는 특정 분자에 대한 특이적 결합 특성에 기초하여 선택된 DNA, RNA 또는 펩타이드를 포함한다. 예를 들어, 압타머(들)은 본 발명에 설명된 바와 같이, 종양 세포, 종양 혈관계, 종양 미세환경, 및/또는 면역 세포 내 특정 유전자 또는 유전자 산물의 결합에 대해 선택될 수 있고, 여기서 이러한 선택은 공지기술의 방법 및 통상의 기술자에게 잘 알려진 방법에 의해 수행된다.
- [0302] [281] 본 발명의 일부 측면에서 표적화 물질은 펩타이드이다. 예를 들어, 본 발명에 제공된 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 암 또는 종양 세포의 성분과 결합가능한 펩타이드에 컨주게이트될 수 있다. 따라서, 본 발명의 이러한 IgSF 컨주게이트는 종양 세포, 종양 혈관계의 세포 성분, 및/또는 종양 미세환경의 성분에 결합하는 펩타이드 표적화 물질을 포함한다. 일부 구체예에서, 표적화 물질 펩타이드는 인테그린의 길항제 또는 작용제일 수 있다. 알파 및 베타 서브유닛을 포함하는 인테그린에는 통상의 기술자에게 잘 알려진 수 많은 종류가 있다.
- [0303] [282] 일 구체예에서, 표적화 물질은 Vvbeta3이다. 인테그린 Vvbeta3은 다양한 세포에서 발현되며 골골 세포와 뼈 매트릭스의 접착, 혈관 평활근 세포의 이동 및 혈관 신생을 비롯하여 생물학적으로 관련된 여러 과정을 중재하는 것으로 나타났다. 인테그린을 위한 적절한 표적화 분자로는 RGD 펩타이드 또는 펩타이드 모방체(peptidomimetics) 및 비-RGD 펩타이드 또는 펩타이드 모방체(예컨대 미국특허 Nos. 5,767,071 및 5,780,426 참조), 그 밖의 인테그린 예컨대 V4.beta1 (VLA-4), V4-P7 (예컨대, 미국특허 No. 6,365,619; Chang et al, Bioorganic & Medicinal Chem Lett, 12:159-163 (2002); Lin et al., Bioorganic & Medicinal Chem Lett, 12:133-136 (2002) 참조), 등을 들 수 있다.
- [0304] [283] 일부 구체예에서, 본 발명에 따른 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질과 치료제를 포함하는 IgSF 컨주게이트가 제공된다. 일부 구체예에서, 치료제의 예로는, 다우노마이신, 독소루비신, 메토트렉세이트, 및 빈데신을 들 수 있다 (Rowland 외, Cancer Immunol. Immunother. 21:183-187, 1986). 일부 구체예에서, 치료제는 세포내 활성을 갖는다. 일부 구체예에서, IgSF 컨주게이트는 내면화되고 치료제는 세포의 단백질 합성을 차단하여, 세포 사멸을 유도하는 세포독소이다. 일부 구체예에서, 치료제는 리보솜-불활성화 활성을 갖는 폴리펩타이드 포함 세포독소, 예를 들어, 젤로닌, 부가닌, 사포린, 리신, 리신 A 사슬, 브리오딘, 디프테리아 독소, 레스트리노신, 슈도모나스 내독소 A 및 그의 변이체이다. 치료제가 리보솜-불활성화 활성을 갖는 폴리펩타이드를 포함하는 세포독소인 일부 구체예에서, IgSF 컨주게이트는 그 단백질이 세포에 세포독성적이기 위해서 표적 세포에 대한 결합시 내면화되어야 한다.
- [0305] [284] 일부 구체예에서, 독소와 컨주게이트된, 본 발명에 따른 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 포함하는 IgSF 컨주게이트가 제공된다. 일부 구체예에서, 독소는 예컨대 디프테리아 독소와 같은 세균성 독소, 리신과 같은 식물성 독소, 소분자 독소 예컨대 젤다나마이신(Mandler 외, J.Nat. Cancer Inst. 92(19):1573-1581 (2000); Mandler 외, Bioorganic & Med. Chem. Letters 10:1025-1028 (2000); Mandler 외, Bioconjugate Chem. 13:786-791 (2002)), 메이탄시노이드 (EP 1391213; Liu 외, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93:8618-8623 (1996)), 및 칼리케아마이신 (Lode 외, Cancer Res. 58:2928 (1998); Hinman 외, Cancer Res. 53:3336-3342 (1993))이다. 독소는 튜블린 결합, DNA 결합 또는 토포이소머라제 억제제를 비롯한 메카니즘에 의해 그의 세포독성 및 세포증식 억제 효과를 발휘한다.
- [0306] [285] 일부 구체예에서, 검출가능한 시그널을 직접 또는 간접적으로 생성할 수 있는 표지와 컨주게이션된, 본 발명에서 제공된 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 포함하는 IgSF 컨주게이트가 제공된다. 이들 IgSF 컨주게이트는 예컨대 생체내에서 암을 검출하는 것과 같은 연고 또는 진단 용도로 사용될 수 있다. 표지는 종기로는 검출가능한 시그널을 직접 또는 간접적으로 생성할 수 있는 것이 바람직하다. 예를 들어, 표지는 3H, 14C, 32P, 35S, 123I, 125I, 131I과 같은 방사능-불투과형 또는 방사능동위원소; 형광(플루오로포어) 또는 화학발광(크로모포어) 화합물, 예컨대 플루오레신 이소티오시아네이트, 로다민 또는 루시페린; 알칼린 포스파타제, beta-갈락토시다제 또는 호스레디쉬 퍼옥사이드와 같은 효소; 조영제; 또는 금속 이온일 수 있다. 일부 구체예

에서, 표지는 신티그래프 연구를 위한 방사능 원자, 예컨대 ^{99}Tc 또는 ^{123}I , 또는 핵자기공명(NMR) 영상화(자기 공명영상화, MRI라고도 알려짐)를 위한 스핀 표지, 예컨대 지르코늄-89, 요오드-123, 요오드-131, 인듐-111, 불소-19, 탄소-13, 질소-15, 산소-17, 가돌리늄, 망간 또는 철일 수 있다. 지르코늄-89는 다양한 금속 킬레이트화제와 복합체를 형성하여 예컨대 PET 영상화를 위해 항체에 컨쥬게이트될 수 있다 (WO 2011/056983). 일부 구체예에서, IgSF 컨쥬게이트는 간접적으로 검출가능하다. 예를 들어, IgSF 컨쥬게이트에 특이적이고 검출가능한 표지를 함유하는 이차 항체를 이용하여 IgSF 컨쥬게이트를 검출할 수 있다.

[0307] [286] IgSF 컨쥬게이트는 공지 기술 방법을 이용하여 만들 수 있다. 예컨대, 본 발명에 그 내용 전체가 참조 병합된 WO 2009/067800, WO 2011/133886, 및 미국특허 출원공개 No. 2014322129 참조.

[0308] [287] IgSF 컨쥬게이트의 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 이펙터 모이어티와 연계 또는 연결시킬 수 있는 임의의 수단에 의해 이펙터 모이어티에 "부착(attached to)"될 수 있다. 예를 들어, IgSF 컨쥬게이트의 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 화학 또는 재조합 수단에 의해 이펙터 모이어티에 부착될 수 있다. 융합체 또는 컨쥬게이트를 제조하기 위한 화학적 수단은 기술 분야에 알려져 있으며 IgSF 컨쥬게이트를 제조하는데 이용될 수 있다. 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질과 이펙터 모이어티를 컨쥬게이트하는데 사용되는 방법은 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질이 그들의 하나 이상의 카운터 구조 리간드와 결합하는 능력을 간섭함이 없이, 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 이펙터 모이어티에 연결시킬 수 있어야 한다.

[0309] [288] IgSF 컨쥬게이트의 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 이펙터 모이어티에 간접적으로 연결될 수 있다. 예컨대, IgSF 컨쥬게이트의 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 여러가지 종류 중 한 종류의 이펙터 모이어티를 함유하는 리포솜에 직접 연결될 수 있다. 이펙터 모이어티(들) 및/또는 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 고체 표면에 결합될 수도 있다.

[0310] [289] 일부 구체예에서, IgSF 컨쥬게이트의 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질 및 이펙터 모이어티는 두 가지 모두 단백질이며 공지 기술을 이용하여 컨쥬게이션될 수 있다. 이들 두 단백질을 컨쥬게이트시킬 수 있는 크로스링커들이 수백종이나 존재한다 (예를 들어 "Chemistry of Protein Conjugation and Crosslinking," 1991, Shans Wong, CRC Press, Ann Arbor 참조). 크로스링커는 일반적으로 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질 및/또는 이펙터 모이어티 상에 삽입되거나 또는 이용가능한 반응성 관능기에 기초해서 선택된다. 또한, 반응성 기가 없을 경우, 광활성화가능한 크로스링커를 사용할 수 있다. 특정 예에서, 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질과 이펙터 모이어티 사이에 스페이서를 포함시키는 것이 요망될 수 있다. 기술분야에 알려진 가교제로는 호모이끼능성 물질; 글루타르알데히드, 디메틸아디피데이트 및 비스(디아조벤지딘) 및 헤테로이끼능성 물질; m 말레이미도벤조일-N-히드록시숙신이미드 및 설폰-m-말레이미도벤조일-N-히드록시숙신이미드를 들 수 있다.

[0311] [290] 일부 구체예에서, IgSF 컨쥬게이트의 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 이펙터 모이어티의 화학적 결합을 위한 특이적 잔기에 의해 조작될 수 있다. 기술분야에 공지인 분자의 화학적 부착에 사용되는 특이적 잔기의 예로는 리신 및 시스테인을 들 수 있다. 크로스링커는 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질 상에 삽입되고, 이펙터 모이어티 상에서 이용가능한 반응성 관능기에 기초하여 선택된다.

[0312] [291] IgSF 컨쥬게이트는 재조합 DNA 기술을 이용하여 제조될 수도 있다. 이 경우 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 DNA 서열을 이펙터 모이어티를 인코딩하는 DNA 서열에 융합시켜, 키메라 DNA 분자를 결과시킨다. 이 키메라 DNA 서열은 융합 단백질을 발현하는 숙주 세포 내로 형질감염된다. 융합 단백질은 공지기술에 따라 포 배양체로부터 회수되어 정제될 수 있다.

[0313] [292] 표지인 이펙터 모이어티를 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질에 결합시키는 예로는 다음 문헌에 설명된 방법들이 포함된다: Hunter, 외, Nature 144:945 (1962); David, 외, Biochemistry 13:1014 (1974); Pain, 외, J. Immunol. Meth. 40:219 (1981); Nygren, J. Histochem. and Cytochem. 30:407 (1982); Wensel 및 Meares, Radioimmunoimaging And Radioimmunotherapy, Elsevier, N.Y. (1983); 및 Colcher 외, "Use Of Monoclonal Antibodies As Radiopharmaceuticals For The Localization Of Human Carcinoma Xenografts In Athymic Mice", Meth. Enzymol., 121:802-16 (1986).

[0314] [293] 방사능-또는 그 밖의 표지들을 공지 방식으로 컨쥬게이트 내에 통합시킬 수 있다. 예를 들어, 상기 펩타이드는 예를 들어, 수소 대신 불소-19를 포함하는 적절한 아미노산 전구체를 이용하는 화학적 아미노삽입에 의해 합성되거나 또는 생물합성될 수 있다. ^{99}Tc 또는 ^{123}I , ^{186}Re , ^{188}Re 및 ^{111}In 등의 표지를 펩타이드 내 시

스테인 잔기를 통해 결합시킬 수 있다. 이트륨-90을 리신 잔기를 통해 부착시킬 수 있다. IODOGEN 방법 (Fraker 외, Biochem. Biophys. Res. Commun. 80:49-57 (1978))을 이용하여 요오드-123을 통합시킬 수 있다. 문헌 "Monoclonal Antibodies in Immunoscintigraphy" (Chatal, CRC Press 1989)에는 그 밖의 방법들이 자세히 설명되어 있다.

[0315] [294] 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질과 세포독성 물질과의 컨쥬게이트는 다양한 이기능성 단백질 커플링 물질, 예컨대 N-숙신이미딜-3-(2-피리딜디티오) 프로피오네이트 (SPDP), 숙신이미딜-4-(N-말레이미도메틸) 사이클로헥산-1-카르복실레이트 (SMCC), 이미노티올란(IT), 이미도에스테르의 이기능성 유도체 (예컨대 디메틸 아디피메이트 HCl), 활성 에스테르 (예컨대 디숙신이미딜 수베레이트), 알데하이드 (예컨대 글루타르알데하이드), 비스-아지도 화합물 (예컨대 비스(p-아지도벤조일)헥산디아민), 비스-디아조늄 유도체 (예컨대 비스(p-디아조늄벤조일)-테틸렌디아민), 디이소시아테이트 (예컨대 툴루엔 2,6-디이소시아테이트) 및 비스-활성 불소 화합물 (예컨대 1,5-디플루오로-2,4-디니트로벤젠)을 이용하여 만들어질 수 있다. 예를 들어, 리신 면역독소는 Vitetta 외, Science 238:1098 (1987)에 설명된 방법으로 만들 수 있다. 탄소-14-표지된 1-이소티오시아네이트도벤젠-3-메틸디에틸렌 tn아민펜타아세트산 (MX-DTPA)은 방사능 뉴클레오타이드를 항체에 컨쥬게이트시키기 위한 예시적인 킬레이트화제이다. 참조: 예컨대, WO94/11026. 링커는 세포에서 세포독성 약물의 방출을 용이하게 해주는 "절단가능한 링커"일 수 있다. 예를 들어, 산-불안정 링커, 펩티다제-민감성 링커, 광불안정 링커, 디메틸 링커 또는 디설파이드-함유 링커 (Chari 외, Cancer Research 52:127-131 (1992); 미국특허 No. 5,208,020)를 이용할 수 있다.

[0316] [295] 본 발명의 IgSF 컨쥬게이트가 명백히 고려될 수 있으나 크로스-링커 시약을 이용하여 제조된 약물 컨쥬게이트에 한정되지 않는다: 상업적으로 구입가능한 BMPS, EMCS, GMBS, HBVS, LC-SMCC, MBS, MPBH, SBAP, SIA, SIAB, SMCC, SMPB, SMPH, 설폰-EMCS, 설폰-GMBS, 설폰-KMUS, 설폰-MBS, 설폰-SIAB, 설폰-SMCC, 및 설폰-SMPB, 및 SVSB (숙신이미딜-(4-비닐설폰)벤조에이트)(예컨대, Pierce Biotechnology, Inc., Rockford, IL, U.S.A). 참조: 페이지 467-498, 2003-2004 Applications Handbook and Catalog.

[0317] D. 막관통 및 분비가능한 면역조절 단백질 및 조작된 세포

[0318] [296] 본 발명에 따라 면역조절 변이체 CD80 폴리펩타이드 (또는 "조작된 세포")를 발현하는 조작된 세포들이 제공된다. 일부 구체예에서, 발현된 면역조절 변이체 CD80 폴리펩타이드는 막관통 단백질이고 및 표면 발현된다. 일부 구체예에서, 발현된 면역조절 변이체 CD80 폴리펩타이드는 발현되어 세포로부터 분비된다.

[0319] 1. 막관통 면역조절 단백질

[0320] [297] 일부 구체예에서, 변이체 CD80을 포함하는 면역조절 폴리펩타이드는 막 결합 단백질일 수 있다. 이하에서 더욱 자세히 설명되는 바와 같이, 면역조절 폴리펩타이드는 변이체 CD80을 포함하는 막관통 면역조절 폴리펩타이드일 수 있으며 여기에는: 적어도 하나의 친화성 변형된 IgSF 도메인 (IgV 또는 IgC)을 함유하는 엑토도메인, 막관통 도메인 및, 선택적으로 세포질 도메인이 포함된다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 림프구 (예컨대 T 세포 또는 NK 세포) 또는 항원 제시 세포의 표면을 비롯하여, 포유동물 세포와 같은 면역 세포의 표면에 발현될 수 있다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은, 예컨대: T 헬퍼 세포, 세포독성 T-세포 (또는 세포독성 T 림프구 또는 CTL), 내츄럴 킬러 T-세포, 조절 T-세포, 메모리 T-세포, 또는 감마 델타 T-세포와 같은, 포유동물 T-세포의 표면에 발현된다. 일부 구체예에서, 포유동물 세포는 항원 제시 세포 (APC)이다. 일반적으로, 그러나 배타적이지는 않지만, 엑토도메인 (또는 "세포외 도메인")은 본 발명의 변이체 CD80의 하나 이상의 아미노산 변이(예컨대 아미노산 치환)를 포함한다. 따라서, 예를 들어, 일부 구체예에서 막관통 단백질은 본 발명의 변이체 CD80의 하나 이상의 아미노산 치환을 포함하는 엑토도메인을 포함할 것이다.

[0321] [298] 일부 구체예에서, 조작된 세포들은 막관통 단백질과 같은 막 단백질일 수 있는 막관통 면역조절 폴리펩타이드 (TIP)인 변이체 CD80 폴리펩타이드를 발현한다. 전형적인 구체예에서, 막 단백질의 엑토도메인은 본 발명에서 제공된 변이체 CD80의 세포외 도메인 또는 그의 IgSF 도메인을 포함하되 적어도 하나의 igSF 도메인에는 하나 이상의 아미노산 치환이 함유된 것이다. 본원에서 제공된 막관통 면역조절 단백질은 엑토도메인에 링크된 막관통 도메인을 추가로 함유한다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 세포 상에서의 세포 표면 발현을 위해 인코딩된 단백질을 결과시킨다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 엑토도메인에 직접 링크된다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 하나 이상의 링커 또는 스페이서를 통해 엑토도메인에 간접 링크된다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 류신 및 발린과 같은 소수성 아미노산 잔기들을 주로 함유한다.

[0322] [299] 일부 구체예에서, 조작된 T 세포와 같은 조작된 세포의 표면에 TIPs가 발현되도록 하기 위해 전장 막관

통 고정(anchor) 도메인이 사용될 수 있다. 간단하게, 이것은 천연 IgSF 단백질 (예컨대 CD80)과 유사한 방식으로 친화성 변형되어(예컨대 CD80 또는 다른 천연 IgSF 단백질), 제1 막 근위(proximal) 도메인 서열에 간단히 융합되어 있는 특정한 천연 단백질로부터 유래할 수 있다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 SEQ ID NO:1에 제시된 아미노산 서열들에 함유된 막관통 도메인과 같은, 대응하는 야생형 또는 변형되지 않은 IgSF 멤버의 막관통 도메인을 포함한다(표 2 참조). 일부 구체예에서, 막 결합 형태는 SEQ ID NO:1의 잔기 243-263에 대응하는 것과 같이, 대응하는 야생형 또는 비변형 폴리펩타이드의 막관통 도메인을 포함한다.

[0323] [300] 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 천연 CD80의 막관통 도메인이 아닌 비-천연 막관통 도메인이다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 막-결합되거나 또는 막관통 단백질인 또 다른 비-CD80 패밀리의 폴리펩타이드로부터의 막관통 도메인으로부터 유래한다. 일부 구체예에서는, T 세포 상의 다른 단백질로부터의 막관통 고정 도메인이 사용될 수 있다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 CD8로부터 유래한다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 스페이스 도메인 역할을 하는 CD8의 세포외 부분을 추가로 함유할 수 있다. 예시적인 CD8 유래된 막관통 도메인이 SEQ ID NO: 246 또는 399 또는 CD8 막관통 도메인을 함유하는 그의 일부에 제시되어 있다. 일부 구체예에서, 막관통 도메인은 합성 막관통 도메인이다.

[0324] [301] 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 막관통 도메인에 링크된 세포질 시그널링 도메인과 같은 엔도도메인을 추가로 함유한다. 일부 구체예에서, 세포질 시그널링 도메인은 세포 시그널링을 유도한다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질의 엔도도메인은 SEQ ID NO:1에 제시된 아미노산 서열에 함유된 세포질 도메인과 같은, 대응하는 야생형 또는 변형되지 않은 폴리펩타이드의 세포질 도메인을 포함한다 (표 2 참조).

[0325] [302] 일부 구체예에서, 변이체 CD80이거나 이를 포함하는 제공된 막관통 면역조절 단백질은 SEQ ID NO: 253에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내고 설명된 바와 같은 적어도 하나의 친화성-변형된 CD80 IgSF 도메인 및 막관통 도메인을 포함하는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 표 1에 제시된 것들을 포함하여, 설명된 바와 같이 IgSF 도메인 (예컨대 IgV 도메인)에 하나 이상의 임의의 아미노산 치환을 함유한다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 설명된 바와 같이 세포질 도메인을 더 포함할 수 있다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 시그널 펩타이드를 더 포함할 수 있다. 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드는 SEQ ID NO:1에 제시된 아미노산 서열에 함유된 것과 같은, 야생형 IgSF 멤버의 천연 시그널 펩타이드이다 (예컨대 표 2 참조).

[0326] [303] 이러한 막관통 면역조절 단백질들을 인코딩하는 핵산 분자도 제공된다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자는 SEQ ID NOS: 253에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내고, 설명된 바와 같은 적어도 하나의 친화성-변형된 IgSF 도메인, 및 선택적으로 세포질 도메인을 함유하는 아미노산 서열을 인코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, 핵산 분자는 시그널 펩타이드를 인코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 더 포함할 수 있다. 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드는 대응하는 야생형 IgSF 멤버의 천연 시그널 펩타이드이다 (예컨대 표 2 참조).

[0327] [304] 막관통 면역조절 단백질의 한 가지 예는: i) SEQ ID NO:241에 제시된 아미노산 서열 또는 ii) SEQ ID NO:241에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내고 SEQ ID NO:243의 친화성-변형된 도메인 또는 아미노산 치환을 그 내부에 포함하는 아미노산 서열을 포함하는 CD80 TIP이다. 또한 i) SEQ ID NO:242에 제시된 뉴클레오타이드 서열, ii) SEQ ID NO: 242에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내고 SEQ ID NO:241의 친화성-변형된 도메인을 포함하는 TIP를 인코딩하는 서열, 또는 SEQ ID NO:241의 아미노산 치환을 함유하는 폴리펩타이드, 또는 iii) 측쇄 코돈을 갖는 i) 또는 ii)의 서열도 제공된다.

[0328] [305] 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질의 엔도도메인이 적어도 하나의 ITAM (면역수용체 티로신-기반 활성화 motif)-함유 시그널링 도메인을 함유하는 세포질 시그널링 도메인을 함유하는 것인 CAR-관련 막관통 면역조절 단백질이 제공된다. ITAM은 T-세포 수용체 시그널 전달도입에 관여하는 CD3-제타 사슬("CD3-z")에 포함된, 면역 세포의 시그널 전달도입에 관여하는 수 개의 단백질 시그널링 도메인에서 발견되는 보존적 motif이다. 일부 구체예에서, 엔도도메인은 CD3-제타 시그널링 도메인에 포함된다. 일부 구체예에서, CD3-제타 시그널링 도메인은 SEQ ID NO: 333에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO: 247에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내고 T 세포 시그널링 활성을 유지하는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, CAR-관련 막관통 면역조절 단백질의 엔도도메인은 T-세포의 면역조절 반응을 추가로 조절하기 위해 공동자극 시그널링 도메인을 더 함유한다. 일부 구체예

에서, 공동자극 시그널링 도메인은 CD28, ICOS, 41BB 또는 OX40이다. 일부 구체예에서, 공동자극 시그널링 도메인은 CD28 또는 4-1BB로부터 유래되고 SEQ ID NOS: 400-403에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO:400-403에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내고 T 세포 공동자극 시그널링 활성을 보유하는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, CAR-관련 막관통 면역조절 단백질은 친화성 변형된 IgSF 도메인이 동족 결합 파트너 또는 카운터 구조물에 결합시 T 세포 시그널링을 자극하는 CARs의 속성을 갖는다. 일부 구체예에서, 친화성-변형된 IgSF 도메인의 그의 카운터 구조물에 대한 특이적 결합에 의해, 세포독성, 증식 또는 사이토카인 생산의 변화에 의해 반영되는 바와 같은 T-세포 활성의 면역학적 활성의 변화가 일어날 수 있다.

[0329] [306] 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 세포질 시그널링을 매개할 수 있는 엔도도메인을 함유하지 않는다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 야생형 또는 변형되지 않은 폴리펩타이드의 시그널 형질 도입 메커니즘을 결여하며 따라서 그 자체는 세포 시그널링을 유지하지 않는다. 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 SEQ ID NOS:1에 제시된 아미노산 서열에 함유된 세포질 시그널링 도메인과 같은, 대응하는 야생형 또는 변형되지 않은 폴리펩타이드의 세포내(세포질) 도메인 또는 세포내 도메인의 일부를 결여한다 (표 2 참조). 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 IgSF 패밀리에 (예컨대 PD-1 또는 TIGIT)의 억제 수용체를 비롯한, 특정한 억제 수용체에 함유된 것과 같은 ITIM (면역수용체 티로신-기반 억제 모티프)을 함유하지 않는다. 따라서, 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질은 설명된 것과 같이 엑토도메인 및 막관통 도메인만을 함유한다.

[0330] 2. 분비된 면역조절 단백질 및 조작된 세포들

[0331] [307] 일부 구체예에서, 설명된 바와 같은 하나 이상의 아미노산 돌연변이를 함유하는 CD80 변이체 면역조절 폴리펩타이드는 예컨대 세포에서 발현되는 때, 분비가능하다. 이러한 변이체 CD80 면역조절 단백질은 막관통 도메인을 포함하지 않는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 면역조절 단백질은 반감기 연장 모이어티 (예컨대 Fc 도메인 또는 멀티머화 도메인)에 컨주게이트되지 않는다. 일부 구체예에서, 변이체 CD80 면역조절 단백질은 시그널 펩타이드, 예컨대 항체 시그널 펩타이드 또는 세포 외부의 도메인을 획득하기 위한 다른 효과적인 시그널 서열을 포함한다. 면역조절 단백질이 시그널 펩타이드를 포함하고 조작된 세포에 의해 발현될 경우, 시그널 펩타이드는 면역조절 단백질로 하여금 조작된 세포에 의해 분비하게 한다. 일반적으로, 시그널 펩타이드 또는 시그널 펩타이드의 일부는 분비와 함께 면역조절 단백질로부터 절단된다. 면역조절 단백질은 핵산 (발현 벡터의 일부일 수 있음)에 의해 인코딩될 수 있다. 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 세포 (예컨대, 면역 세포, 예를 들어 일차 면역 세포)에 의해 발현 및 분비된다.

[0332] [308] 따라서, 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드를 더 포함하는 변이체 CD80 면역조절 단백질이 제공된다. 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 시그널 펩타이드를 인코딩하는 분비 서열에 작동적으로 연결된 변이체 CD80 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자가 제공된다.

[0333] [309] 시그널 펩타이드는 세포로부터 면역조절 단백질의 분비를 시그널링하는 면역조절 단백질의 N-말단 상의 서열이다. 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드는 약 5 내지 약 40 아미노산 길이 (예컨대 약 5 내지 약 7, 약 7 내지 약 10, 약 10 내지 약 15, 약 15 내지 약 20, 약 20 내지 약 25, 또는 약 25 내지 약 30, 약 30 내지 약 35, 또는 약 35 내지 약 40 아미노산 길이)이다.

[0334] [310] 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드는 대응하는 야생형 CD80으로부터의 천연 시그널 펩타이드이다 (표 2 참조). 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드는 비-천연 시그널 펩타이드이다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 비-천연 시그널 펩타이드는 대응하는 야생형 CD80으로부터의 돌연변이 천연 시그널 펩타이드이고, 하나 이상 (예컨대 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10 이상)의 치환체 삽입 또는 결실을 포함할 수 있다. 일부 구체예에서, 비-천연 시그널 펩타이드는 야생형 IgSF 패밀리의 멤버와 동일한 IgSF 패밀리로부터의 패밀리의 멤버의 시그널 펩타이드 또는 그의 돌연변이이다. 일부 구체예에서, 비-천연 시그널 펩타이드는 야생형 IgSF 패밀리의 멤버와 상이한 IgSF 패밀리로부터의 패밀리의 멤버의 시그널 펩타이드 또는 그의 돌연변이이다. 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드는 비-IgSF 단백질 패밀리로부터의 시그널 펩타이드 또는 그의 돌연변이, 예컨대 면역글로불린 (예컨대 IgG 중쇄 또는 IgG-카파 경쇄)으로부터의 시그널 펩타이드, 사이토카인 (예컨대 인터류킨-2 (IL-2), 또는 CD33), 혈청 알부민 단백질 (예컨대 HSA 또는 알부민), 인간 아주로시딘 프리단백질 시그널 서열, 루시페라제, 트립시노겐 (예컨대 쿠모트립시노겐 또는 트립시노겐) 또는 세포로부터 단백질을 효과적으로 분비할 수 있는 기타 시그널 펩타이드이다. 예시적인 시그널 펩타이드가 표 6에 설명되어 있다.

표 6. 예시적인 시그널 펩타이드		
SEQ ID NO	시그널 펩타이드	펩타이드 서열
SEQ ID NO: 353	HSA 시그널 펩타이드	MKWVTFISLLFLFSSAYS
SEQ ID NO: 354	Ig 카파 경쇄	MDMRAPAGIFGFLVLFPGYRS
SEQ ID NO: 355	인간 아주로시던 예비단백질 시그널 서열	MTRLTVLALLAGLLASSRA
SEQ ID NO: 356	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MELGLSWIFLLAILKGVQC
SEQ ID NO: 357	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MELGLRWVFLVAILEGVQC
SEQ ID NO: 358	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MKHLWFFLLLVAAPRWVLS
SEQ ID NO: 359	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MDWTWRILFLVAAATGAHS
SEQ ID NO: 360	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MDWTWRFLFVVAATGVQS
SEQ ID NO: 361	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MEFGLSWLFLVAILKGVQC
SEQ ID NO: 362	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MEFGLSWVFLVALFRGVQC
SEQ ID NO: 363	IgG 중쇄 시그널 펩타이드	MDLLHKNMKHLWFFLLLVAAPRWVLS
SEQ ID NO: 364	IgG 카파 경쇄 시그널 서열 s:	MDMRVPAQLLGLLLLWLSGARC
SEQ ID NO: 365	IgG 카파 경쇄 시그널 서열 s:	MKYLLPTAAAGLLLLAAQPAMA
SEQ ID NO: 366	가우시아 루시페라제	MGVKVLFALICIAVAEA
SEQ ID NO: 367	인간 알부민	MKWVTFISLLFLFSSAYS
SEQ ID NO: 368	인간 키모트립시노겐	MAFLWLLSCWALLGTTFG
SEQ ID NO: 369	인간 인터류킨-2	MQLLSCIALILALV
SEQ ID NO: 370	인간 트립시노겐-2	MNLLLILTFVAAAVA

[0335]

[0336]

[311] 분비가능한 변이체 CD80 면역조절 단백질의 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 발현될 경우 시그널 펩타이드를 포함하고, 시그널 펩타이드 (또는 그의 일부)는 분비시 면역조절 단백질로부터 절단된다.

[0337]

[312] 일부 구체예에서, 조작된 세포들은 세포로부터 분비된 변이체 CD80 폴리펩타이드를 발현한다. 일부 구체예에서, 이러한 변이체 CD80 폴리펩타이드는 분비를 위해 시그널 서열의 작동가능한 조절 하에서 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자에 의해 인코딩된다. 일부 구체예에서, 인코딩된 면역조절 단백질은 세포로부터 발현될 때 분비된다. 일부 구체예에서, 핵산 분자에 의해 인코딩된 면역조절 단백질은 막관통 도메인을 포함하지 않는다. 일부 구체예에서, 핵산 분자에 의해 인코딩된 면역조절 단백질은 반감기 연장 모이어티 (예컨대 Fc 도메인 또는 멀티머화 도메인)을 포함하지 않는다. 일부 구체예에서, 핵산 분자에 의해 인코딩된 면역조절 단백질은 시그널 펩타이드를 포함한다. 일부 구체예에서, 본 발명의 핵산은 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산에 작동적으로 연결된 분비 또는 시그널 펩타이드를 인코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 더 포함함으로써 해서, 면역조절 단백질의 분비를 가능케 한다.

[0338]

3. 세포 및 세포의 조작

[0339]

[313] 본원에서 제공된 면역조절 폴리펩타이드 중 임의의 것을 발현하는 조작된 세포가 본원에 제공된다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 제공된 막관통 면역조절 폴리펩타이드 중 임의의 것을 그들의 표면에서 발현한다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 단백질의 분비에 적합한 조건 하에서 세포로부터 면역조절 단백질을 발현 및 분비할 수 있거나 또는 분비할 수 있다. 일부 구체예에서, 면역조절 단백질은 림프구 예컨대 중앙 침윤 림프구 (TIL), T-세포 또는 NK 세포 또는 골수 세포에서 발현된다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 항원 제시 세포 (APC)이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 조작된 포유동물 T-세포 또는 조작된 포유동물 항원 제시 세포 (APC)이다. 일부 구체예에서, 조작된 T 세포 또는 APC는 인간 또는 쥐 세포이다.

[0340]

[314] 일부 구체예에서, 조작된 T-세포의 비제한적인 예로는, T 헬퍼 세포, 세포독성 T-세포 (또는 세포독성 T 림프구 또는 CTL), 내츄럴 킬러 T-세포, 조절 T-세포, 메모리 T-세포, 또는 감마 델타 T-세포를 들 수 있다. 일부 구체예에서, 조작된 T 세포는 CD4+ 또는 CD8+이다. MHC의 시그널에 더해, 조작된 T-세포 역시도 공동-자극 시그널을 필요로 하며, 이것은 일부 구체예에서, 이전에 논의된 바와 같은 막 결합 형태로 발현되는 변이체 CD80 막관통 면역조절 폴리펩타이드에 의해 제공된다.

- [0341] [315] 일부 구체예에서, 조작된 APC에는, 예를 들어, 세포성 및 비세포성 (예컨대, 생물분해가능한 폴리머 미립자) aAPC를 모두 포함하는 인공 APC (aAPCs) 뿐만 아니라, MHC II 발현 APCs 예컨대 대식세포, B 세포, 및 수지상 세포가 포함된다. 인공 APCs (aAPCs)는 T 세포에 대해 항원을 제시하고 T 세포를 활성화시킨다는 점에서 APCs와 유사한 방식으로 작용가능한 APCs의 합성 버전이다. 항원 제시는 MHC (클래스 I 또는 클래스 II)에 의해 수행된다. 일부 구체예에서, aAPC와 같은 조작된 APC에서, MHC 상에 로딩된 항원은, 일부 구체예에서, 종양 특이 항원 또는 종양 관련 항원이다. MHC 상에 로딩된 항원은 T 세포의 T-세포 수용체 (TCR)에 의해 인식되며, 몇몇 경우, CTLA-4 또는 CD80 또는 본 발명에 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 인식되는 다른 분자들을 발현할 수 있다. aAPC를 조작하는데 사용가능한 물질로는 다음을 들 수 있다: 폴리(글리콜산), 폴리(락틱-코-글리콜산), 철-산화물, 리포솜, 지질 이중층, 세파로스 및 폴리스티렌.
- [0342] [316] 일부 구체예에서, 막관통 면역조절 단백질 또는 분비가능한 면역조절 단백질과 같은 본 발명에서 제공된 면역조절 단백질은 항원-결합 수용체, 예컨대 재조합 수용체, 예컨대 키메라 항원 수용체 (CAR) 또는 T 세포 수용체 (TCR)를 발현하는 세포 내에서 공동발현되거나 또는 이들 세포 내로 조작된다. 일부 구체예에서, 조작된 세포, 예컨대 조작된 T 세포는 암, 염증성 및 자가면역 질환 또는 바이러스 감염과 관련된 목적 항원을 인식한다. 특정 구체예에서, 항원-결합 수용체는 종양 특이 항원 또는 종양 관련 항원에 특이적으로 결합하는 항원-결합 모이어티를 함유한다. 일부 구체예에서, 조작된 T-세포는 항원, 예컨대 종양 특이 항원 또는 종양 관련 항원에 특이적으로 결합하는 항원-결합 도메인 (예컨대 scFv)을 함유하는 CAR (키메라 항원 수용체) T-세포이다. 일부 구체예에서, 항원-결합 도메인 (예컨대 scFv)은 CD19에 특이적이다. 예시적인 CAR은 항-CD19 CAR, 예컨대 SEQ ID NO:245에 제시된 항-CD19 scFv을 함유하는 CAR이다. 일부 구체예에서, TIP 단백질은 조작된 T-세포 수용체 세포 또는 및 조작된 키메라 항원 수용체 세포에서 발현된다. 이러한 구체예에서, 조작된 세포는 TIP 및 CAR 또는 TCR을 공동-발현한다.
- [0343] [317] 일부 구체예에서, CAR은 스페이서 또는 힌지, 막관통 도메인, 및 CD3제타 시그널링 도메인과 같은 ITAM 시그널링 도메인을 포함하는 세포내 시그널링 도메인 (엔도도메인)을 추가로 함유한다. 일부 구체예에서, CAR은 보조 자극 시그널링 도메인을 추가로 포함한다. 일부 구체예에서, 일부 구체예에서, 스페이서 또는 힌지는 항원-결합 도메인과 막관통 도메인 사이, 예컨대 세포상에서 발현될 때항원-결합 도메인과 및 세포질 막 사이에 존재한다. 일부 구체예에서, 스페이서 또는 힌지는 IgG 서브클래스 (예컨대 IgG1 및 IgG4, IgD 또는 CD8 (예컨대, Qin 외 (2017) J. Hematol. Oncol., 10:68 참조)로부터 유래된다. 일부 구체예에서, 스페이서 또는 힌지는 IgG1로부터 유래한다.
- [0344] [318] 일부 구체예에서, 스페이서 및 막관통 도메인은 SEQ ID NO: 246 또는 399에 제시된 서열 또는 SEQ ID NO:332 또는 364에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열과 같이 CD8로부터 유래된 힌지 및 막관통 도메인이다. 일부 구체예에서, 엔도도메인은 at CD3-제타 시그널링 도메인을 포함한다. 일부 구체예에서, CD3-제타 시그널링 도메인은 SEQ ID NO: 247에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO:247에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일성을 나타내고 T 세포 시그널링 활성을 보유하는 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, CAR-관련 막관통 면역조절 단백질의 엔도도메인은 T 세포의 면역조절 반응을 더 조절하기 위해 공동자극 시그널링 도메인을 더 포함할 수 있다. 일부 구체예에서, 공동자극 시그널링 도메인은 CD28, ICOS, 41BB 또는 OX40이다. 일부 구체예에서, 공동자극 시그널링 도메인은 CD28 또는 4-1BB로부터 유래하고 SEQ ID NOS: 400-403에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO:400-403에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내고T 세포 공동자극 시그널링 활성을 보유하는 아미노산 서열을 포함한다..
- [0345] [319] 또 다른 구체예에서, 조작된 T-세포는 재조합 또는 조작된 TCR을 비롯한 TCR을 갖는다. 일부 구체예에서, TCR은 천연 TCR일 수 있다. 통상의 기술자라면 일반적으로 천연 포유동물 T-세포 수용체가 항원 특이적 인식 및 결합과 연루된 알파 및 베타 사슬(또는 감마 및 델타 사슬)을 포함한다는 것을 인식할 것이다. 일부 구체예에서, TCR은 변형된 조작된 TCR이다. 일부 구체예에서, 조작된 T 세포의 TCR은 APC에 의해 제시된 종양 관련되거나 종양 특이적인 항원에 특이적으로 결합한다.
- [0346] [320] 일부 구체예에서, 면역조절 폴리펩타이드, 예컨대 막관통 면역조절 폴리펩타이드 또는 분비가능한 면역조절 폴리펩타이드는, 재조합 숙주 세포의 경우 사용되는 것과 같은 다양한 전략에 의해, 조작된 세포, 예컨대 조작된 T 세포 또는 조작된 APC 내로 통합될 수 있다. DNA 작제물을 일차 T 세포 내로 도입하기 위한 다양한 방법이 기술분야에 알려져 있다. 일부 구체예에서, 바이러스 형질도입 또는 플라스미드 전기천공이 사용된다. 전형적인 구체예에서, 발현 벡터. 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자는 발현된 막관통 면역조절 단백질

을 세포막에 국소화시키거나 또는 분비시키는 시그널 펩타이드를 포함한다. 일부 구체예에서, 본 발명의 막관통 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산을 레트로바이러스 벡터와 같은 바이러스 벡터 내로 서브-클로닝하여, 숙주 포유동물 세포에서 발현시킨다. 발현 벡터는 포유동물 숙주 세포 내로 삽입될 수 있고, 숙주 세포 배양 조건 하에서, 면역조절 단백질을 표면 상에서 발현되거나 또는 분비된다.

[0347] [321] 예시적인 한 가지 예에서, 일차 T-세포는 생체외에서 정제되어(CD4 세포 또는 CD8 세포 또는 양자 모두) 다양한 TCR/CD28 아고니스트, 예컨대 항-CD3/항-CD28 코팅된 비드로 구성된 활성화 프로토콜에 의해 자극될 수 있다. 2일 또는 3일 활성화 프로세스 후, 면역조절 폴리펩타이드를 함유하는 재조합 발현 벡터를 표준 렌티바이러스 또는 레트로바이러스 형질도입 프로토콜 또는 플라스미드 전기천공 전략을 통해 일차 T 세포 내로 안정하게 도입시킬 수 있다. 세포들을 예컨대 변이체 CD80를 포함하는 천연 부모 분자 및 폴리펩타이드와 교차-반응하는 항체 또는 항-에피토프 태그를 이용하는 유세포 분석법에 의해, 면역조절 폴리펩타이드 발현에 대해 모니터링할 수 있다. 면역조절 폴리펩타이드를 발현하는 T-세포들은 항-에피토프 태그 항체를 이용한 소팅을 통해 농축되거나 또는 용도에 따라 고발현 또는 저발현을 위해 농축될 수 있다.

[0348] [322] 면역조절 폴리펩타이드 발현시, 조작된 T-세포를 다양한 수단에 의해 적절한 기능에 대해 분석할 수 있다. 조작된 CAR 또는 TCR 공동-발현을 검정하여 조작된 T 세포의 이 부분이 면역조절 단백질의 발현에 의해 유의적으로 영향을 받지 않았음을 입증할 수 있다. 일단 검정되면, 표준 시험관내 세포독성, 증식 또는 사이토카인 분석(예컨대, IFN-감마 발현)을 이용하여, 조작된 T-세포의 기능을 평가할 수 있다. 예시적인 표준 엔드포인트는 종양 세포주의 용해 백분율, 조작된 T-세포의 증식 또는 배양 상등액 중 IFN-감마 단백질 발현이다. 대조군 작제물에 비해 종양 세포주의 통계적으로 유의한 증가된 용해, 조작된 T-세포의 증가된 증식 또는 증가된 IFN-감마 발현을 야기하는 조작된 작제물을 선택할 수 있다. 또한, 조작되지 않은, 예컨대 천연 일차 또는 내인성 T-세포 역시도 동일한 시험관내 분석으로 처리하여, 조작된 T-세포와 같은 조작된 세포에서 발현되는 면역조절 폴리펩타이드 작제물의 활성을 조절하는 능력, 예컨대 일부 사례에서 바이스텐더, 천연 T-세포에서 이펙터 기능을 활성화 및 생성하는 능력을 측정할 수 있다. CD69, CD44, 또는 CD62L와 같은 활성화 마커의 증가된 발현이 내인성 T 세포에서 모니터링될 수 있고, 증가된 증식 및/또는 사이토카인 생산은 조작된 T 세포에서 발현된 면역조절 단백질의 목적하는 활성을 가리키는 것일 수 있다.

[0349] [323] 일부 구체예에서, 유사한 분석법을 이용하여 CAR 또는 TCR을 단독으로 함유하는 조작된 T 세포의 기능과 CAR 또는 TCR 및 TIP 작제물을 함유하는 것들의 기능을 비교할 수 있다. 전형적으로, 이러한 시험관내 분석법은 동종체 CAR 또는 TCR 항원을 함유하는 "종양" 세포주 및 조작된 T 세포를 배양체에 다양한 비율로 플레이팅함으로써 수행된다. 표준 종말점은 종양 세포의 용해 백분율, 조작된 T 세포의 증식 또는 배양 상등액 중의 IFN-감마 생산이다. 통계적으로 유의하게 증가된 종양 세포주의 용해, 조작된 T 세포의 증가된 증식, 또는 동일한 TCR 또는 CAR 작제물 단독으로 증가된 IFN-감마 생산을 위한 조작된 면역조절 단백질이 선택될 수 있다. 조작된 인간 T 세포는 마우스 T, NK 및 B 세포가 결핍된 NSG 균주와 같은 면역저하(immunocompromised) 마우스에서 분석될 수 있다. CAR 또는 TCR이 이종 이식물의 표적 카운터-구조에 결합하고 TIP 친화성 변형된 IgSF 도메인과 공동-발현되는 조작된 인간 T 세포는 이종 이식과 비교하여 상이한 세포 수 및 비율로 생체 내에서 입양전달될 수 있다. 예를 들어, 루시페라제/GFP 벡터를 포함하는 CD19+ 백혈병 종양 세포주의 생착(engraftment)은 생물발광 또는 유세포 측정법을 통해 모니터링될 수 있다. 일반적인 구체예에서, 이종 이식편을 쥐 모델에 도입한 다음 며칠 후에 조작된 T 세포를 도입한다. 면역조절 단백질을 포함하는 조작된 T 세포를, CAR 또는 TCR만을 단독 함유하는 조작된 T 세포와 비교하여 증가된 생존, 종양 제거 또는 확장된 조작된 T 세포 수에 대해 분석할 수 있다. 시험관내 분석에서와 같이, 내인성, 천연 (즉, 비-조작된) 인간 T 세포는 그 집단에서 성공적인 에피토프 확산을 찾아보기 위해 공동-입양전달되어, 보다 나은 생존 또는 종양 제거를 결과시킨다.

[0350] E. 다양한 폴리펩타이드 및 면역조절 단백질을 발현하는 감염 물질

[0351] [324] 또한, 본원에 기재된 분비성 또는 막관통 면역조절 단백질을 포함하는 CD80 vIgD 폴리펩타이드와 같은 임의의 변이체 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산을 함유하는 감염 물질이 제공된다. 일부 구체예에서, 이러한 감염 물질은 CD80 vIgD 폴리펩타이드와 같은 본원에 기술된 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산을 대상자 내 표적 세포, 예컨대 대상자 내 면역 세포 및/또는 항원 제시 세포 (APC) 또는 종양 세포에 전달할 수 있다. 또한 이러한 감염 물질에 함유된 핵산, 및/또는 그러한 감염 물질의 생성 또는 변형을 위한 핵산, 예컨대 이러한 감염 물질을 함유하는 벡터 및/또는 플라스미드, 및 조성물도 제공된다.

[0352] [325] 일부 구체예에서, 감염 물질은 미생물이다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 바이러스 또는 세균이다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 바이러스이다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 세균이다. 일부 구체예에서, 이러한 감

염 물질은 본원에 기재된 분비성 또는 막관통 면역조절 단백질을 포함하는 CD80 vIgD 폴리펩타이드와 같은 임의의 변이체 폴리펩타이드를 코딩하는 핵산 서열을 전달할 수 있다. 따라서, 일부 구체예에서, 감염 물질에 의해 감염되거나 접촉된 대상자의 세포는 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 세포 표면에 발현시키거나 분비할 수 있다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 또한 세포 및/또는 대상자 내 환경에 다른 치료제 또는 다른 치료제를 인코딩하는 핵산을 전달할 수 있다. 일부 구체예에서, 감염 물질에 의해 전달가능한 다른 치료제는 사이토카인 또는 다른 면역조절 분자를 포함한다.

[0353] [326] 일부 구체예에서, 감염 물질, 예컨대, 바이러스 또는 세균은 본원에 설명된, 분비성 또는 막관통 면역조절 단백질을 비롯하여, CD80 vIgD 폴리펩타이드와 같은, 임의의 변이체 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 서열을 포함하며, 대상자 내 세포와 접촉 및/또는 감염에 의해, 상기 세포는 감염 물질에 함유된 핵산 서열에 의해 인코딩된, 분비성 또는 막관통 면역조절 단백질을 비롯한, CD80 vIgD 폴리펩타이드와 같은, 변이체 폴리펩타이드를 발현한다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 대상자에게 투여될 수 있다. 일부 구체예에서, 대상자로부터의 세포는 감염 물질에 의해 생체의 형질도입될 수 있다.

[0354] [327] 일부 구체예에서, 감염 물질에 의해 감염된 세포에 의해 발현되는, 막관통 면역조절 단백질을 비롯한 CD80 vIgD 폴리펩타이드와 같은 변이체 폴리펩타이드는 막관통 단백질이고 표면 발현된다. 일부 구체예에서, 변이체 폴리펩타이드, 예컨대 감염 물질에 의해 감염된 세포에 의해 발현된 분비가능한 면역조절 단백질을 비롯하여 CD80 vIgD 폴리펩타이드는, 발현되어 세포로부터 분비된다. 막관통 면역조절 단백질 또는 분비된 면역조절 단백질은 설명된 임의의 것일 수 있다.

[0355] [328] 일부 구체예에서, 감염 물질에 의해 표적화된 대상자 내 세포에는 종양 세포, 면역 세포, 및/또는 항원-제시 세포 (APC)가 포함된다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 종양 미세환경 (TME) 내 세포를 표적화한다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 분비성 또는 막관통 면역조절 단백질을 비롯하여, CD80 vIgD 폴리펩타이드와 같은 변이체 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산을, 목적하는 효과, 예컨대 면역조절 및/또는 특이적인 세포-매개된 면역 반응, 예컨대 CD4 및/또는 CD8 T 세포 반응 (여기서 상기 CD8 T 세포 반응은 세포독성 T 세포 (CTL) 반응을 포함할 수 있음)을 유도 및/또는 개시하는 적절한 세포(예를 들어, APC, 예컨대 수지상 세포와 같이, 그 세포 표면에서 펩타이드/MHC 복합체를 나타내는 세포) 또는 조직 (예컨대, 림프구 조직)으로 전달한다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 APC, 예컨대 수지상 세포 (DC)를 표적으로 한다. 일부 구체예에서, 본원에 설명된 감염 물질에 의해 전달되는 핵산 분자는 예컨대 프로모터와 같은 조절 요소, 특정 표적 세포에서, 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 작동적으로 연결된 코딩 서열의 발현에 필요한 적절한 핵산 서열을 포함한다.

[0356] [329] 일부 구체예에서, 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 서열을 함유하는 감염 물질은 예컨대, 사이토카인, 전구약물 전환 효소, 세포독소 및/또는 검출가능한 유전자 산물과 같이, 하나 이상의 부가적인 유전자 산물을 인코딩하는 핵산 서열도 함유할 수 있다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 감염 물질은 항암 바이러스이고 상기 바이러스는 부가적인 치료적 유전자 산물을 인코딩하는 핵산 서열을 포함할 수 있다 (참조: 예컨대 Cancer 9:64-71; Garcia-Aragoncillo 외, (2010) Curr Opin Mol Ther 12:403-411; 미국특허 Nos. 7,588,767, 7,588,771, 7,662,398 및 7,754,221 및 미국특허 Publ. Nos. 2007/0202572, 2007/0212727, 2010/0062016, 2009/0098529, 2009/0053244, 2009/0155287, 2009/0117034, 2010/0233078, 2009/0162288, 2010/0196325, 2009/0136917 및 2011/0064650 참조). 일부 구체예에서, 부가적인 유전자 산물은 면역 반응을 개시 또는 촉진 또는 조절할 수 있는 유전자 산물 또는 표적 세포 (예컨대, 종양 세포)의 사멸을 결과시킬 수 있는 치료적 유전자 산물일 수 있다 (예컨대, 사이토카인). 예시적인 유전자 산물은 또한 항암제, 항대사제, 항혈관형성 제, 면역조절 분자, 면역 체크포인트 억제제, 항체, 사이토 카인, 성장 인자, 항원, 세포독성 유전자 산물, 프로-아폽토시스 산물, 항-아폽토시스 유전자 산물, 세포 매트릭스 분해 유전자, 조직 재생 및 인간 체세포를 다능성으로 재 프로그래밍하기 위한 유전자, 및 본원에 기술되거나 당업자에게 공지된 다른 유전자를 포함할 수 있다. 일부 구체예에서, 추가의 유전자 산물은 과립구-대식세포 콜로니-자극 인자 (GM-CSF)이다.

[0357] 1. 바이러스

[0358] [330] 일부 구체예에서, 감염 물질은 바이러스이다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 항암 바이러스, 또는 면역 세포와 같은 특정 세포를 표적화하는 바이러스이다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 대상자 내 종양 세포 및/또는 암 세포를 표적화한다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 면역 세포 또는 항원-제시 세포 (APC)를 표적화한다.

[0359] [331] 일부 구체예에서, 감염 물질은 항암 바이러스이다. 종양용해성 바이러스는 종양 세포에 축적되어 종양 세포에서 복제되는 바이러스이다. 세포에서의 복제 및 본원에 기술된 변이체 면역조절 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산의 선택적 전달에 의해, 종양 세포가 용해되고 종양이 수축되어 제거될

수 있다. 종양 용해성 바이러스는 또한 광범위한 숙주 및 세포 유형 범위를 가질 수 있다. 예를 들어, 항암 바이러스는 종양 및/또는 전이를 포함하는 면역특발성 세포 또는 면역특발성 조직에 축적될 수 있고, 또한 상처 조직 및 세포를 포함하여, 본원에 기재된 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산을 광범위한 세포 유형에서 전달 및 발현시킬 수 있다. 종양용해 바이러스는 또한 종양 세포 특이적 방식으로 복제되어, 종양세포 용해 및 효율적인 종양 퇴화를 야기할 수도 있다.

[0360] [332] 예시적인 항암 바이러스로는 아데노바이러스, 아데노-관련 바이러스, 헤르페스 바이러스, 대상포진 바이러스, 수포성 구내염 바이러스, 레오바이러스, 뉴캐슬병 바이러스, 파보바이러스, 홍역 바이러스, 수포성 구내염 바이러스 (VSV), 콕사키 바이러스 및 백시니아 바이러스를 들 수 있다. 일부 구체예에서, 항암 바이러스는 고형 종양은 특이적으로 콜로니화할 수 있지만, 다른 장기는 감염시키지 않아, 본원에 설명된 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산을 그러한 고형 종양에 전달하기 위한 감염 물질로서 사용가능하다.

[0361] [333] 본원에 설명된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산을 전달하는데 사용가능한 종양분해 바이러스는, 기술분야에 알려진 임의의 것일 수 있고 예컨대 수포성 구내염 바이러스가 이에 포함된다. 예컨대, 미국특허 Nos. 7,731,974, 7,153,510, 6,653,103 및 미국특허 Pub. Nos. 2010/0178684, 2010/0172877, 2010/0113567, 2007/0098743, 20050260601, 20050220818 및 EP Pat. Nos. 1385466, 1606411 및 1520175; 단순포진 바이러스, (예컨대, 미국특허 Nos. 7,897,146, 7,731,952, 7,550,296, 7,537,924, 6,723,316, 6,428,968 및 미국특허 Pub. Nos., 2014/0154216, 2011/0177032, 2011/0158948, 2010/0092515, 2009/0274728, 2009/0285860, 2009/0215147, 2009/0010889, 2007/0110720, 2006/0039894, 2004/0009604, 2004/0063094, 국제특허공개 Nos., WO 2007/052029, WO 1999/038955; 레트로바이러스, 참조: 예컨대, 미국특허 Nos. 6,689,871, 6,635,472, 5,851,529, 5,716,826, 5,716,613 및 미국특허 Pub. No. 20110212530; 백시니아 바이러스, 참조, 예컨대, 2016/0339066, 및 아데노-관련 바이러스, 예컨대, 미국특허 Nos. 8,007,780, 7,968,340, 7,943,374, 7,906,111, 7,927,585, 7,811,814, 7,662,627, 7,241,447, 7,238,526, 7,172,893, 7,033,826, 7,001,765, 6,897,045, 및 6,632,670 참조.

[0362] [334] 종양 용해성 바이러스는 또한 병독성을 약화시키고, 그의 안전성 프로파일을 향상시키며, 종양 특이성을 향상시키도록 유전적으로 변형된 바이러스를 포함하며, 이들은 또한 세포 독소, 사이토카인, 전구약물 전환 효소 등의 추가 유전자를 갖춤으로써 해서 바이러스의 전반적인 효능이 증강된다(참조: 예컨대, Kirn 외, (2009) Nat Rev Cancer 9:64-71; Garcia-Aragoncillo 외, (2010) Curr Opin Mol Ther 12:403-411; 참조 미국특허 Nos. 7,588,767, 7,588,771, 7,662,398 및 7,754,221 및 미국특허 Publ. Nos. 2007/0202572, 2007/0212727, 2010/0062016, 2009/0098529, 2009/0053244, 2009/0155287, 2009/0117034, 2010/0233078, 2009/0162288, 2010/0196325, 2009/0136917 및 2011/0064650). 일부 구체예에서, 항암 바이러스는 암 세포에서 선택적으로 복제됨으로써 해서 종양용해성이 되도록 변형된 것일 수도 있다. 예를 들어, 종양용해성 바이러스는 종양 치료법 및 유전자 치료법으로 변형된 방향성을 갖도록 조작된 아데노바이러스이다. 이러한 예로는 ONYX-015, H101 및 Ad5ΔCR (Hallden and Portella (2012) Expert Opin Ther Targets, 16 : 945-58) 및 TNFerade (McLoughlin 외 (2005) Ann. Surg. Oncol., 12 : 825-30), 또는 조건부로 복제가능한 아데노 바이러스 Oncorine®를 들 수 있다.

[0363] [335] 일부 구체예에서, 감염 물질은 변형된 단순포진 바이러스이다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 본원에 설명된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질과 같이, 본원에 설명된 임의의 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산을 함유하도록 변형된, Talimogene laherparepvec의 변형된 버전이다. (T-Vec, Imlygic 또는 OncoVex GM-CSF로도 알려짐). 일부 구체예에서, 감염 물질은 예컨대, WO 2007/052029, WO 1999/038955, US 2004/0063094, US 2014/0154216에 설명되어 있는 변형된 단순포진 바이러스, 또는 그의 변이체이다.

[0364] [336] 일부 구체예에서, 감염 물질은 바이러스가 투여된 대상자에서 특정한 세포 유형을 표적화하는 바이러스, 예컨대 면역 세포 또는 항원-제시 세포 (APCs)를 표적화하는 바이러스이다. 수지상 세포 (DCs)는 면역 반응의 개시 및 제어에 필수적인 APC이다. DC는 항원을 포획 및 프로세싱할 수 있고, 말초에서 임파선 기관으로 이동하여 주요조직적합 복합체 (MHC)-제한된 방식으로 휴지 T 세포에 항원을 제시할 수 있다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 DC에서 발현을 위한 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산을 전달하도록 DC를 특이적으로 표적화할 수 있는 바이러스이다. 일부 구체예에서, 바이러스는 렌티바이러스 또는 그의 변이체이다. 일부 구체예에서, 바이러스는 DC와 같은 세포 표면 마커 수지상 세포-특이적 세포간 부착 분자-3 포획 (grabbing) 비-인테그린 (DC-SIGN)을 발현하는 세포에 효과적으로 결합하여 생산적으로 감염시키기 위해 슈도타이프된 렌티바이러스이다. 일부 구체예에서, 바이러스는 WO 2013/149167에 설명된 것과 같은, 신드비스 바이러스 E2 당단백질에 의해 슈도타이프된 렌티바이러스이다. 일부 구체예에서, 바이러스는 DC에 관심 서열 (예를 들

어, 본원에 기재된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산)의 전달 및 발현을 허용한다. 일부 구체예에서, 바이러스는 WO 2008/011636 또는 US 2011/0064763에 기재된 것들, 또는 그의 변이체를 포함한다.

2. 세균(Bacteria)

[337] 일부 구체예에서, 감염 물질은 세균이다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 세균은 본 명세서에 설명된 변이체 면역조절 폴리펩타이드, 예컨대, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산을 종양 세포, 면역 세포, 항원-제시 세포 및/또는 식세포 등 대상자 내 표적 세포에 전달할 수 있다. 일부 구체예에서, 세균은 변이체 면역조절 폴리펩타이드의 발현을 위한 환경에서 표적 특이 세포로의 표적화 및/또는 변이체 면역조절 폴리펩타이드의 발현 및/또는 분비를 위해, 종양 미세환경(TME)과 같은, 대상자 내 특이적 환경으로 바람직하게 표적화될 수 있다.

[338] 일부 구체예에서, 세균은 플라스미드 DNA의 세균-매개 전달을 통해 핵산을 포유동물 세포에 전달한다 (세균감염(bactofection)이라고도 함). 예를 들어, 일부 구체예에서, 유전자 물질의 전달은 표적 세포로의 세균 전체의 유입을 통해 달성된다. 일부 구체예에서, 자발적 또는 유도된 세균 용해(bacterial lysis)는 후속적인 진핵세포 발현을 위한 플라스미드 방출로 이어질 수 있다. 일부 구체예에서, 세균은 핵산을 비-식세포성 포유동물 세포(예컨대 종양 세포), 및/또는 식세포, 컨대 특정 면역 세포 및/또는 APC로 전달할 수 있다. 일부 구체예에서, 세균에 의해 전달된 핵산은 발현을 위한 대상자의 세포핵으로 전달될 수 있다. 일부 구체예에서, 핵산은 특정 숙주 세포에서, 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 작동가능하게 연결된 서열, 예컨대 프로모터 또는 인핸서와 같은 조절 요소의 발현에 필요한 적절한 핵산 서열도 포함한다. 일부 구체예에서, 세균인 감염 물질은 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산을, 예컨대, 표적 세포에 의한 번역을 위해 표적 세포의 세포질에 전달된 미리 만들어진 번역-능력 RNA와 같은 RNA의 형태로 전달할 수 있다.

[339] 일부 구체예에서, 세균은 예컨대 종양 세포와 같은 표적 세포를 복제 및 용해시킬 수 있다. 일부 구체예에서, 세균은 핵산 서열 및/또는 유전자 산물을 함유하거나 및/또는 표적 세포의 세포질에 방출할 수 있으므로, 종양 세포와 같은 표적 세포를 사멸시킬 수 있다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 예컨대, 종양 미세환경 (TME)과 같은 대상자 내의 특정 환경에서 특이적으로 복제할 수 있다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 세균은 혐기성 또는 저산소 미세환경에서 특이적으로 복제가능하다. 일부 구체예에서, 특정 환경에 존재하는 조건 또는 인자들, 예컨대 TME 내의 세포에 의해 생산되는 아스파테이트, 세린, 시트레이트, 리보스 또는 갈락토스는 그 환경으로 세균을 유인하는 화학유인제로서 작용할 수 있다. 일부 구체예에서, 세균은 예컨대, TME와 같은 환경에서 본 발명의 면역조절 단백질을 발현 및/또는 분비할 수 있다.

[340] 일부 구체예에서, 감염 물질은 리스테리아 종, 비피도박테리움 종, 대장균 종, 클로스트리듐 종, 살모넬라 종, 시겔라 종, 비브리오 종 또는 예르시니아 종인 세균이다. 일부 구체예에서, 세균은 리스테리아 모노시토겐스, 살모넬라 타이피뮤리움, 살모넬라 콜레라스위스, 대장균, 비브리오 콜레라, 클로스트리듐 퍼프린젠스, 클로스트리듐 부티리쿰, 클로스트리듐 노비이, 클로스트리듐 아세토부틸리쿰, 비피도박테리움 인판티스, 비피도박테리움 톱텀 및 비피도박테리움 아돌레센티스 중 하나 이상으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 세균은 조작된 세균이다. 일부 구체예에서, 세균은 예컨대 문헌 [Seow 및 Wood (2009) Molecular Therapy 17(5):767-777; Baban 외 (2010) Bioengineered Bugs 1:6, 385-394; Patyar 외 (2010) J Biomed Sci 17:21; Tangney 외 (2010) Bioengineered Bugs 1:4, 284-287; van Pijkeren 외 (2010) Hum Gene Ther. 21(4):405-416; WO 2012/149364; WO 2014/198002; US 9103831; US 9453227; US 2014/0186401; US 2004/0146488; US 2011/0293705; US 2015/0359909 및 EP 3020816]에 설명된 것과 같은 조작된 세균이다. 세균은 본원에서 제공된 변이체 면역조절 폴리펩타이드, 컨쥬게이트 및/또는 융합체를 인코딩하는 핵산 서열을 대상자에 전달하도록, 및/또는 이러한 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 대상자에서 발현하도록 변형될 수 있다.

F. 폴리펩타이드 또는 세포 생산을 위한 핵산, 벡터 및 방법

[341] 본 발명에 따라 본 발명에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드의 다양한 임의의 구체예들을 인코딩하는, "핵산"이라 통칭되는 단리된 핵산 또는 재조합 핵산이 제공된다. 일부 구체예에서, 본 발명에서 제공된 핵산은 후술하는 것들을 비롯하여, 본 발명에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드의 재조합적 생산(예컨대, 발현)에 유용하다. 일부 구체예에서, 본원에서 제공된 핵산은 후술하는 것들을 비롯하여, 본 발명에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드를 세포, 예컨대 조작된 세포, 예컨대 면역 세포, 또는 감염 물질 세포에서 발현하는데 유용하다. 본 발명에 따라 제공되는 핵산은 RNA 형태 또는 DNA 형태일 수 있고, 여기에는 mRNA, cRNA, 재조합 또는 합성 RNA 및 DNA,

및 cDNA가 포함된다. 본원에서 제공된 핵산은 일반적으로 DNA 분자이고 대체로 이중-가닥 DNA 분자이다. 그러나, 단일-가닥 DNA, 단일-가닥 RNA, 이중-가닥 RNA 및 하이브리드 DNA/RNA 핵산 또는 본 발명의 임의의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 이의 조합 역시도 제공된다.

[0372] [342] 또한 본원에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드를 생산하는데 유용한 재조합 발현 벡터 및 재조합 숙주 세포도 제공된다.

[0373] [343] 또한 제공된 핵산 분자 또는 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드 중 어느 하나, 예컨대 막관통 면역조절 폴리펩타이드 또는 분비가능한 면역조절 폴리펩타이드 중 어느 하나를 함유하는 조작된 세포, 예컨대 조작된 면역 세포도 제공된다.

[0374] [344] 또한 제공된 핵산 분자 또는 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드 중 어느 하나, 예컨대 막관통 면역조절 폴리펩타이드 또는 분비가능한 면역조절 폴리펩타이드 중 어느 하나를 함유하는 감염 물질, 예컨대 세균 또는 바이러스 세포도 제공된다.

[0375] [345] 전술한 임의의 구체예에서, 본 발명에 제공된 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산은 재조합 DNA 및 클로닝 기술을 이용하여 세포 내로 도입될 수 있다. 이를 위해, 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 재조합 DNA 분자를 작제한다. 이러한 DNA 분자를 제조하는 방법은 기술분야에 잘 알려져 있다. 예를 들어, 펩타이드를 코딩하는 서열을 적절한 제한 효소를 이용하여 DNA로부터 잘라낼 수 있다. 별법으로, DNA 분자는 포스포르아미다이트법과 같은 화학 합성 기술을 이용하여 합성될 수 있다. 또한, 이러한 기술들을 조합 사용할 수도 있다. 일부 사례에서, 폴리머라제 연쇄 반응 (PCR)을 통해 재조합 또는 합성 핵산을 생성할 수 있다. 일부 구체예에서, 제공된 설명에 따라 적어도 하나의 친화성-변형된 IgSF 도메인 및 일부 구체예에서, 시그널 펩타이드, 막관통 도메인 및/또는 엔도도메인을 함유하는 하나 이상의 변이체 CD80 폴리펩타이드를 인코딩하는 DNA 삽입물이 생성될 수 있다. 이 DNA 삽입물은 당업자에게 공지된 바와 같이 적절한 형질도입/형질감염 벡터 내로 클로닝될 수 있다. 또한, 이들 핵산 분자를 함유하는 발현 벡터도 제공된다.

[0376] [346] 일부 구체예에서, 발현 벡터는 단백질의 발현에 적합한 조건 하에서 적절한 세포내에서 면역조절 단백질을 발현할 수 있다. 일부 측면에서, 핵산 분자 또는 발현 벡터는 적절한 발현 조저러 서열에 작동적으로 연결된 면역조절 단백질을 인코딩하는 DNA 분자를 포함한다. DNA 분자 벡터 내 삽입 전 또는 후에 이러한 작동 연결을 수행하는 방법은 잘 알려져 있다. 발현 조절 서열에는 프로모터, 액티베이터, 인핸서, 오퍼레이터, 리보솜 결합 부위, 개시 시그널, 종결 시그널, 캡(cap) 시그널, 폴리아데닐화 시그널 및 전사 또는 번역 제어와 관련된 시그널이 포함된다.

[0377] [347] 일부 구체예에서, 면역조절 단백질의 발현은 발현을 제어 또는 조절하기 위해 프로모터 또는 인핸서에 의해 조절된다. 프로모터는 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자의 일부분에 작동적으로 연결된다. 일부 구체예에서, 프로모터는 구성적 활성 프로모터(constitutively active promotor)이다 (예컨대 조직-특이적인 구성적 활성 프로모터 또는 그 밖의 구성 프로모터). 일부 구체예에서, 프로모터는 유도 물질(예컨대 T 세포 활성화 시그널)에 대해 응답할 수 있는 유도성 프로모터이다.

[0378] [348] 일부 구체예에서, 구성 프로모터는 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자에 작동적으로 연결된다. 대표적인 구성 프로모터에는 SV(Simian vacuolating) 바이러스 40 (SV40) 프로모터, CMV 프로모터, Ubc 프로모터 및 EF-1 알파 프로모터가 포함된다. 일부 구체예에서, 구성 프로모터는 조직 특이적이다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 프로모터는 면역 세포, 림프구 또는 T 세포와 같은 특정 조직에서 면역조절 단백질의 구성적 발현을 허용한다. 예시적인 조직 특이적 프로모터는 미국특허 No. 5,998,205에 설명되어 있고, 예를 들어, 태아(feto)단백질, DF3, 티로시나제, CEA, 계면활성제 단백질, 및 ErbB2 프로모터가 이에 포함된다.

[0379] [349] 일부 구체예에서, 유도가능한 프로모터는 변이체 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자에 작동적으로 연결되어 적절한 전사 인두서의 존재 또는 부재를 조절함으로써 핵산의 발현을 제어할 수 있다. 예를 들어, 프로모터는 예컨대 공개된 테트라사이클린-조절된 시스템 또는 기타 조절가능한 시스템 (예컨대 공개된 국제 PCT Appl. No. WO 01/30843)에서와 같은 조절된 프로모터 및 전사인자 발현 시스템일 수 있어, 인코딩된 폴리펩타이드의 발현을 제어하는 것이 가능하다. 예시적인 조절가능한 프로모터 시스템은 예를 들어, Clontech사 (Palo Alto, CA)로부터 입수가능한 Tet-On (및 Tet-Off) 시스템이다. 이 프로모터 시스템은 테트라사이클린 또는 테트라사이클린 유도체 예컨대 독시사이클린에 의해 조절되는 형질전환 유전자의 조절된 발현을 허용한다. 다른 조절 가능한 프로모터 시스템이 공지되어 있다 (예를 들어, 리간드 결합 도메인 및 전사 조절

도메인 (예컨대 호르몬 수용체의 도메인)을 함유하는 유전자 스위치에 대해 설명하고 있는, 공개된 미국특허출원 No. 2002-0168714, 명칭: "단일 사슬, 모노머, 리간드 의존성 폴리펩타이드 스위치를 이용한 유전자 발현의 조절" 참조).

- [0380] [350] 일부 구체예에서, 프로모터는 T-세포 활성화 시그널링에 반응하는 요소에 반응성이다. 오로지 예시 목적의 일부 구체예에서, 조작된 T 세포는 면역조절 단백질 및 상기 면역조절 단백질의 발현을 제어하기 위해 작동적으로 연결된 프로모터를 인코딩하는 발현 벡터를 포함한다. 조작된 T 세포는 예컨대 조작된 T 세포 수용체 (TCR) 또는 키메라 항원 수용체 (CAR)를 통한 시그널링에 의해 활성화되고, 그에 의해 반응성 프로모터를 통한 면역조절 단백질의 발현 및 분비가 촉발된다.
- [0381] [351] 일부 구체예에서, 유도성 프로모터는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자에 작동적으로 연결되어 상기 면역조절 단백질이 활성화된 T-세포의 핵 인자(NFAT) 또는 활성화된 B 세포의 핵 인자 카파-경쇄 인핸서(NF- κ B)에 응답하여 발현된다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 유도성 프로모터는 NFAT 또는 NF- κ B에 대한 결합 부위를 포함한다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 프로모터는 NFAT 또는 NF- κ B 프로모터 또는 그의 기능성 변이체이다. 그러므로, 일부 구체예에서, 핵산은 면역조절 단백질의 발현 조절을 가능하게 하면서 면역조절 단백질의 독성을 감소 또는 제거할 수도 있다. 특히, 본 발명의 핵산을 포함하는 조작된 면역 세포는 그 세포 (예컨대, 세포에 의해 발현된 T-세포 수용체 (TCR) 또는 키메라 항원 수용체 (CAR))가 항원에 의해 특이적으로 자극되거나 및/또는 그 세포(예컨대, 세포의 칼슘 시그널링 경로)가 예컨대 포볼 미리스테이트 아세테이트(PMA: phorbol myristate acetate)/이오노마이신에 의해 비-특이적으로 자극되는 경우에만 면역조절 단백질을 발현 및 분비한다. 따라서, 면역조절 단백질의 일부 사례에서의 발현 및 분비는 오로지 필요한 때와 장소 (예컨대, 감염 질환-유발 물질의 존재, 암, 또는 중앙 부위)에서만 일어나도록 조절될 수 있으므로, 바람직하지 못한 면역조절 단백질 상호작용을 감소 또는 회피할 수 있다.
- [0382] [352] 일부 구체예에서, 본 명세서에 설명된 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산은 NFAT 프로모터, NF- κ B 프로모터, 또는 그의 기능성 변이체를 인코딩하는 적절한 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 본 명세서에서 "NFAT 프로모터"라 함은 최소 프로모터에 연결된 하나 이상의 NFAT 응답 요소를 가리킨다. "NF- κ B 프로모터"는 최소 프로모터에 연결된 하나 이상의 NF- κ B 응답성 요소를 가리킨다. 일부 구체예에서, 어떤 유전자의 최소 프로모터는 최소 인간 IL-2 프로모터 또는 CMV 프로모터이다. NFAT 응답성 요소들(responsive elements)은, 예컨대, NFAT1, NFAT2, NFAT3, 및/또는 NFAT4 응답성 요소를 포함할 수 있다. NFAT 프로모터, NF- κ B 프로모터, 그의 기능성 변이체들은 결합 모티프를 임의의 수, 예컨대 적어도 2개, 적어도 3개, 적어도 4개, 적어도 5개, 적어도 6개, 적어도 7개, 적어도 8개, 적어도 9개, 적어도 10개, 적어도 11개 또는 최대 12개까지 포함할 수 있다.
- [0383] [353] DNA 분자를 갖는 결과적인 재조합 발현 벡터를 이용하여 적절한 숙주를 형질전환한다. 이 형질전환은 기술분야에 공지인 방법을 이용하여 수행가능하다. 일부 구체예에서, 본원에서 제공된 핵산은 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산에 작동적으로 연결된 분비 또는 시그널 펩타이드를 인코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함하여, 결과적인 가용성 면역조절 폴리펩타이드를 배양 배지, 숙주 세포, 또는 숙주 세포 페리플라즘(periplasm)으로부터 회수할 수 있다. 또 다른 구체예에서, 적절한 발현 조절 시그널은 면역조절 폴리펩타이드의 막 발현을 허용한다. 또한, 상업적으로 입수가능한 키트 및 계약 제조사를 이용하여 본원에서 제공된 조작된 세포 또는 재조합 숙주 세포를 제조할 수 있다.
- [0384] [354] 일부 구체예에서, DNA 분자를 갖는 결과적인 발현 벡터를 이용하여 적절한 세포를 형질전환, 예컨대 형질도입한다. 도입은 공지 방법을 이용하여 수행할 수 있다. 예시적인 방법에는 레트로바이러스 또는 렌티바이러스와 같은 바이러스를 경유하거나, 형질도입, 트랜스포존 및 전기천공을 포함하여, 수용체들을 인코딩하는 핵산을 전달하기 위한 방법들이 포함된다. 일부 구체예에서, 발현 벡터는 바이러스 벡터이다. 일부 구체예에서, 핵산은 렌티바이러스 또는 레트로바이러스 형질도입 방법에 의해 세포 내로 전달된다.
- [0385] [355] 포유동물 T-세포 또는 APC를 포함하여, 공개적으로 입수 가능한 다수의 공지된 포유동물 숙주 세포 중 임의의 것을 폴리펩타이드 또는 조작된 세포의 제조에 사용할 수 있다. 세포의 선택은 당해 기술 분야에서 인정되는 다수의 인자에 의존한다. 여기에는 예를 들어, 선택된 발현 벡터와의 호환성, DNA 분자에 의해 인코딩된 펩타이드의 독성, 형질전환 속도, 펩타이드 회수 용이성, 발현 특성, 생물-안전성 및 비용 등이 포함된다. 이러한 인자들의 균형은 모든 세포가 특정 DNA 서열의 발현에 동등하게 효과적일 수는 없다는 이해와 맞물려야 한다.
- [0386] [356] 일부 구체예에서, 숙주 세포는 예컨대 효모 세포, 또는 차이나이즈 햄스터 난소 (CHO) 또는 HEK293 세포 등의 포유동물 세포와 같은 다양한 진핵 세포일 수 있다. 숙주 세포는 또한 예컨대 대장균(*E. coli*)과 같은 원핵

세포일 수도 있다. 형질전환된 재조합 숙주를 폴리펩타이드 발현 조건에서 배양한 다음 정제하여 가용성 단백질을 얻는다. 재조합 숙주 세포는 바람직한 폴리펩타이드가 발현되도록 통상적인 발효 조건에서 배양할 수 있다. 이러한 발효 조건은 기술분야에 잘 알려져 있다. 마지막으로, 본원에서 제공된 폴리펩타이드는 황산 암모늄 또는 에탄올 침전, 산 추출, 음이온 또는 양이온 교환 크로마토그래피, 포스포셀룰로스 크로마토그래피, 소수성 상호작용 크로마토그래피 및 친 화성 크로마토 그래피를 비롯한, 당업계에 널리 공지된 다수의 방법 중 임의의 방법에 의해 재조합 세포 배양물로부터 회수 및 정제될 수 있다, 단백질 재폴딩(refolding) 단계는 필요에 따라 성숙한 단백질의 구성을 완료하는 데 사용할 수 있다. 최종적으로, 고성능 액체 크로마토그래피 (HPLC)가 최종 정제 단계에서 사용될 수 있다.

[0387] [357] 일부 구체예에서, 세포는 면역 세포, 예컨대 조작된 세포를 제조하는 것과 관련된 전술한 임의의 것일 수 있다. 일부 구체예에서, 이러한 조작된 세포는 일차 세포이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 대상자에 있어 자가(autologous)인 세포이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 대상자에 대해 동종이계(allogeneic)인 세포이다. 일부 구체예에서, 조작된 세포는 예컨대 백혈구 치환에 의해 대상자로부터 수득되고, 면역조절 폴리펩타이드, 예컨대 막관통 면역조절 폴리펩타이드 또는 분비가능한 면역조절 폴리펩타이드의 발현을 위해 생체외에서 형질전환된다.

[0388] [358] 또한 본 발명에 따라 본 발명에 설명된 감염 물질에 함유된 임의의 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산도 제공된다. 일부 구체예에서, 감염 물질은 핵산을 대상자 내 세포에 전달하거나, 및/또는 인코딩된 변이체 폴리펩타이드를 세포에서 발현시킨다. 또한 이러한 감염 물질을 생성, 생산 또는 변형하는데 사용되는 핵산도 제공된다. 예를 들어, 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 감염 물질의 생성, 대상자 내 세포로의 전달 및/또는 대상자 내 세포에서의 변이체 면역조절 폴리펩타이드의 발현을 위해, 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산을 함유하는 벡터 및/또는 플라스미드도 제공된다.

[0389] [359] 일부 구체예에서, 제공된 핵산은 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 서열을 함유하는 재조합 바이러스 또는 세균성 벡터이다. 일부 구체예에서, 재조합 벡터는 표적 세포에 의한 발현을 위해 대상자 내 표적 세포에 전달될 핵산 서열 및/또는 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 서열을 함유하는 감염 물질을 생산하는데 이용될 수 있다. 일부 구체예에서, 재조합 벡터는 발현 벡터이다. 일부 구체예에서, 재조합 벡터는 표적 세포에서 감염 물질의 생성 및/또는 생산 및 발현에 필요한 적절한 서열을 포함한다.

[0390] [360] 일부 구체예에서, 재조합 벡터는 플라스미드 또는 코스미드이다. 본 발명에 설명된 것과 같은 변이체 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 서열을 함유하는 플라스미드 또는 코스미드는 공지기술에 따라 쉽게 작제할 수 있다 감염 물질의 생성을 위해, 벡터 또는 게놈을 플라스미드 형태로 작제한 다음 패키징 또는 프로듀서 세포주 또는 숙주 세균에 형질감염시킬 수 있다. 재조합 벡터는 임의의 공지 재조합 기술으로 이용하여 생성 가능하다. 일부 구체예에서, 벡터는 원핵생물 복제 원점 및/또는 원핵생물 시스템에서의 증식 및/또는 선택에 대한 약물 내성과 같은 검출가능하거나 선택가능한 마커를 부여하는 유전자를 포함할 수 있다.

[0391] [361] 일부 구체예에서, 재조합 벡터는 바이러스 벡터이다. 예시적인 재조합 바이러스 벡터는 렌티바이러스 벡터 게놈, 폭스바이러스 벡터 게놈, 백시니아 바이러스 벡터 게놈, 아데노바이러스 벡터 게놈, 아데노바이러스-관련 바이러스 벡터 게놈, 헤르페스 바이러스 벡터 게놈, 및 알파 바이러스 벡터 게놈을 포함한다. 바이러스 벡터는 살아있거나, 약독화되거나, 복제 조건적 또는 복제 결핍적, 비-병원성(결여), 복제 경쟁 바이러스 벡터일 수 있고 및/또는 예컨대 본 발명에서 제공된 변이체 면역조절 폴리펩타이드와 같은 이중 유전자 산물을 발현하도록 변형된다. 바이러스 생성을 위한 벡터 역시도 바이러스의 약화를 변경하기 위해 변형될 수 있고 여기에는 전사 또는 번역 로드를 증가 또는 감소시키는 방법이 포함된다.

[0392] [362] 사용가능한 예시적인 바이러스 벡터로는 변형된 백시니아 바이러스 벡터 (예컨대, Guerra 외, J. Virol. 80:985-98 (2006); Tartaglia 외, AIDS Research and Human Retroviruses 8: 1445-47 (1992); Gheradi 외, J. Gen. Virol. 86:2925-36 (2005); Mayr 외, Infection 3:6-14 (1975); Hu 외, J. Virol. 75: 10300-308 (2001); 미국특허 Nos. 5,698,530, 6,998,252, 5,443,964, 7,247,615 및 7,368,116 참조); 아데노바이러스 벡터 또는 아데노바이러스-관련 바이러스 벡터 (예컨대, Molin 외, J. Virol. 72:8358-61 (1998); Narumi 외, Am J. Respir. Cell Mol. Biol. 19:936-41 (1998); Mercier 외, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 101:6188-93 (2004); 미국특허 Nos. 6,143,290; 6,596,535; 6,855,317; 6,936,257; 7,125,717; 7,378,087; 7,550,296 참조); 쥐의 백혈병 바이러스(MuLV)에 기초한 것, 기본 원숭이 백혈병 바이러스 (GaLV), 에코트로픽(ecotropic) 레트로바이러스es, 원숭이 면역결핍 바이러스 (SIV), 인간 면역결핍 바이러스 (HIV), 및 이의 조합을 비롯한 레트로바이러스 벡터 (예컨대, Buchscher 외, J. Virol. 66:2731-39 (1992); Johann 외, J. Virol. 66: 1635-40

(1992); Sommerfelt 외, Virology 176:58-59 (1990); Wilson 외, J. Virol. 63:2374-78 (1989) ; Miller 외, J. Virol. 65:2220-24 (1991); Miller 외, Mol. Cell Biol. 10:4239 (1990) ; Kolberg, NIH Res. 4:43 1992; Cornetta 외, Hum. Gene Ther. 2:215 (1991) 참조); 인간 면역결핍 바이러스(HIV-1), HIV-2, 고양이의 면역결핍 바이러스 (FIV), 말의 감염성 빈혈 바이러스, 원숭이 면역결핍 바이러스 (SIV), 및 마에디/비스나(maedi/visna) 바이러스에 기초한 것과 같은 렌티바이러스 벡터 (예컨대, Pfeifer 외, Annu. Rev. Genomics Hum. Genet. 2: 177-211 (2001); Zufferey 외, J. Virol. 72: 9873, 1998; Miyoshi 외, J. Virol. 72:8150, 1998; Philpott 및 Thrasher, Human Gene Therapy 18:8, 2007; Engelman 외, J. Virol. 69: 2729, 1995; Nightingale 외, Mol. Therapy, 13: 1121, 2006; Brown 외, J. Virol. 73:9011 (1999); WO 2009/076524; WO 2012/141984; WO 2016/011083; McWilliams 외, J. Virol. 77: 11150, 2003; Powell 외, J. Virol. 70:5288, 1996 참조) 또는 이들의 임의의 변이체, 및/또는 전술한 임의의 바이러스를 생성하는데 사용가능한 벡터를 들 수 있다. 일부 구체예에서, 재조합 벡터는 패키징 세포주에서와 같이 RNA 바이러스에 대한 경우처럼, 바이러스 게놈의 발현을 조절할 수 있는 프로모터 또는 인핸서 서열과 같은 조절 사열을 포함할 수 있다 (예컨대, 미국특허 Nos.5,385,839 및 5,168,062 참조).

[0393] [363] 일부 구체예에서, 재조합 벡터는 발현 벡터, 예컨대, 표적 세포, 예컨대, 대상자 내 세포, 예컨대, 종양 세포, 면역 세포 및/또는 APC 내로 전달될 때 인코딩된 유전자 산물의 발현을 허용하는 발현 벡터이다. 일부 구체예에서, 감염 물질에 함유된 재조합 발현 벡터는 대상자 내 표적 세포에서 면역조절 단백질을, 상기 단백질의 발현에 적합한 조건 하에서 발현할 수 있다.

[0394] [364] 일부 측면에서, 핵산 또는 발현 벡터는 적절한 발현 조절 서열에 작동적으로 연결된 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 서열의 벡터 내로의 삽입 전 또는 후에, 이 작동가능한 연결에 영향을 미치는 방법은 잘 알려져 있다. 발현 조절 서열의 예로는 프로모터, 액티베이터, 인핸서, 오퍼레이터, 리보솜 결합 부위, 개시 시그널, 종결 시그널, 캡 시그널, 폴리아데닐화 시그널 및 전사와 번역의 조절과 관련된 기타 시그널을 들 수 있다. 프로모터는 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 서열의 일부에 작동적으로 연결될 수 있다. 일부 구체예에서, 프로모터는 표적 세포 내의 구성적으로 활성적인 프로모터이다 (예컨대 조직-특이적인 구성적으로 활성인 프로모터 또는 그 밖의 구성 프로모터). 예를 들어, 재조합 발현 벡터는 또한 림프구 조직-특이적 전사 조절 요소 (TRE) 예컨대 B 림프구, T 림프구, 또는 수지상 세포 특이적 TRE이다. 림프구 조직 특이적 TRE는 기술분야에 알려져 있다 (예컨대, Thompson 외, Mol. Cell. Biol. 12:1043-53 (1992); Todd 외, J. Exp. Med. 177:1663-74 (1993); Penix 외, J. Exp. Med. 178:1483-96 (1993) 참조). 일부 구체예에서, 프로모터는 유도 물질(예컨대 T 세포 활성화 시그널)에 응답할 수 있는 유도성 프로모터이다. 일부 구체예에서, 대상자 내 표적 세포, 예컨대, 종양 세포, 면역 세포 및/또는 APC에 전달된 핵산은 전술한 임의의 조절 요소에 작동적으로 연결될 수 있다.

[0395] [365] 일부 구체예에서, 벡터 세균성 벡터, 예컨대 세균성 플라스미드 또는 코스미드이다. 일부 구체예에서, 세균성 벡터는 포유동물 세포에 대한 플라스미드 DNA의 세균-매개 전달을 통해 표적 세포, 예컨대, 종양 세포, 면역 세포 및/또는 APCs에 전달된다(세균감염(bactofection)이라고도 함). 일부 구체예에서, 전달된 세균성 벡터는 표적 세포 내에서의 발현을 위해 적절한 발현 조절 서열, 예컨대 전술한 바와 같은 프로모터 서열 및/또는 인핸서 서열, 또는 임의의 조절 서열도 함유한다. 일부 구체예에서, 세균성 벡터는 감염 물질, 예컨대, 세균에서, 인코딩된 변이체 폴리펩타이드의 발현 및/또는 분비를 위한 적절한 발현 조절 서열을 함유한다.

[0396] [366] 일부 구체예에서, 본원에서 제공된 폴리펩타이드는 합성법에 의해서도 만들어질 수 있다. 고상 합성법이 개별적인 펩타이드를 만드는 바람직한 기술인데 이는 이 기술이 소형 펩타이드 제조시 비용면에서 가장 효율적인 방법이기 때문이다. 예컨대, 잘 알려진 고상 합성 기술에는 보호기, 링커, 및 고상 지지체의 사용, 그리고 특이적인 보호 및 탈보호 반응 조건, 링커 절단 조건, 스캐빈저의 사용, 및 고상 펩타이드 합성의 기타 측면을 이용하는 것이 포함된다. 이어서 펩타이드를 본원에 제공된 바와 같은 폴리펩타이드 내로 조립할 수 있다.

[0397] IV. 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 면역조절 단백질의 활성 면역 조절을 평가하는 방법

[0398] [367] 일부 구체예에서, 본원에서 제공된 변이체 CD80 폴리펩타이드 (예컨대 전장 및/또는 특이적 결합 단편 또는 그의 컨주게이트, 적층 작제물 또는 융합체)는 T 세포 활성화를 조절하는 면역조절 활성을 나타낸다. 일부 구체예에서, CD80 폴리펩타이드는 야생형 또는 비변형 CD80 대조군에 상대적으로 일차 T 세포 분석시 IFN-감마 발현을 조절한다. 일부 경우에서, IFN-감마 발현의 조절은 대조군에 상대적으로 IFN-감마 발현을 증가 또는 감소시킬 수 있다. 특이적인 결합 및 IFN-감마 발현을 알아내기 위한 분석법은 기술분야에 잘 알려져 있고 여기에는 배양 상등액에서 인터페론-감마 사이토카인 수준을 측정하는 MLR (림프구 혼합 배양반응) 분석법 (Wang 외,

Cancer Immunol Res. 2014 Sep; 2(9):846-56), SEB (스타필로코커스 내독소 B) T 세포 자극 분석법(Wang 외, Cancer Immunol Res. 2014 Sep; 2(9):846-56), 및 항-CD3 T 세포 자극 분석법 (Li 및 Kurlander, J Transl Med. 2010; 8: 104) 등이 포함된다

- [0399] [368] 일부 구체예에서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 일부 구체예에서, 야생형 CD80 대조군에 비해 일차 T-세포 분석에서 IFN-감마 (인터페론-감마) 발현을 증가시키거나 또는 별법 실시예에서 감소시킬 수 있다. 가용성 변이체 CD80 서열을 함유하는 본원에서 제공된 폴리펩타이드의 일부 구체예에서, 상기 폴리펩타이드는 IFN-감마 발현을 증가시킬 수 있고, 또 다른 구체예에서는 야생형 CD80 대조군과 비교하여 일차 T-세포 분석에서 IFN-감마 발현을 감소시킬 수 있다. 다중 변이체 CD80 서열을 함유하는 제공된 폴리 펩타이드의 일부 구체예에서, 상기 폴리펩타이드는 IFN-감마 발현을 증가시킬 수 있고, 별도 구체예에서는 야생형 CD80 대조군과 비교하여 일차 T-세포 분석에서 IFN-감마 발현을 감소시킬 수 있다.
- [0400] [369] 통상의 기술자라면 IFN-감마 발현의 증가를 결정하는데 사용되는 일차 T-세포 분석의 포맷이 IFN-감마 발현의 감소를 분석하기 위해 사용된 것과 다를 수 있다는 것을 인식할 것이다. 일차 T-세포 분석에서 IFN-감마 발현을 감소시키는 변이체 CD80의 능력을 분석함에 있어서, 림프구 혼합 배양 반응 (MLR) 분석을 실시예 6에 기재된 바와 같이 사용할 수 있다. 어떤 경우에는, 변이체 CD80의 가용성 형태를 이용하여 변이체 CD80이 실시예 6에 설명된 것과 마찬가지로 MLR에서 IFN-감마 발현을 길항 및 그에 따라 감소시키는 능력을 알아볼 수 있다.
- [0401] [370] 별법으로, 일차 T-세포 분석에서 IFN-감마 발현을 증가시키는 변이체 CD80의 능력을 분석할 때, 공동-고정화 분석을 실시예 6에 기재된 바와 같이 사용할 수 있다. 공동-고정화 분석에서, 항-CD3 항체에 의해 일부 구체예에서 제공되는, TCR 시그널은 공동-고정된 변이체 CD80과 함께 사용되어 CD80 대조군에 상대적으로 IFN-감마 발현을 증가시키는 능력을 결정한다. 일부 경우, 다가 결합을 제공하는 정도까지 멀티머화된 변이체 CD80의 가용성 형태를 이용하여 실시예 6에 설명된 바와 같이 MLR에서, 변이체 CD80이 IFN-감마 발현을 작용화 및 그에 따라 증가시키는 능력을 결정할 수 있다.
- [0402] [371] 통상의 기술자에게는 적절한 대조군의 사용에 관하여 알려져 있지만, 전술한 구체예에서, 대조군은 전형적으로, 그 변이체 CD80이 유래 또는 발달된 동일한 포유동물 종으로부터의 천연 CD80 이소폼의 야생형과 같은, 비변형 CD80의 사용을 포함한다. ICOS 및 CD28 중 어느 일방 또는 양방 모두에 대한 결합 친화성이 증가 또는 감소되는지와 무관하게, 일부 구체예에서 변이체 CD80은 야생형 CD80 대조군에 비해 일차 T-세포에서 IFN-감마 발현을 증가시키고, 또 다른 구체예에서는 IFN-감마 발현을 감소시킨다.
- [0403] [372] 일부 구체예에서, 변이체 CD80은 야생형 또는 비변형 CD80 대조군에 비해 IFN-감마 발현 (즉, 단백질 발현)을 적어도: 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 또는 그 이상 증가시킨다. 또 다른 구체예에서, 변이체 CD80은 야생형 또는 비변형 CD80 대조군에 비해 IFN-감마 발현 (즉 단백질 발현)을 적어도: 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 또는 그 이상 감소시킨다. 일부 구체예에서, 야생형 CD80 대조군은 야생형 쥐의 CD80 서열이 변경된 변이체 CD80에 대해 전형적으로 사용되는 쥐의 CD80이다. 일부 구체예에서, 야생형 CD80 대조군은 SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:152, 또는 SEQ ID NO:372의 아미노산 서열을 포함하는 CD80 서열과 같은 야생형 인간 CD80 서열과는 다른 변경된 서열을 갖는 변이체 CD80에 전형적으로 사용되는 것과 같은 인간 CD80이다.
- [0404] **V. 의약 제형(pharmaceutical formulations)**
- [0405] [373] 본원에 따라 본 명세서에 설명된 임의의 변이체 CD80 폴리펩타이드, 번역조절 단백질, 컨쥬게이트, 조작된 세포 또는 감염 물질을 함유하는 조성물이 제공된다. 의약 조성물은 약학적으로 허용가능한 부형제를 포함할 수 있다. 예를 들어, 의약 조성물은 예컨대 조성물의 pH, 삼투압, 점도, 투명도, 색상, 등장성, 냄새, 멸균성, 안정성, 용해 속도 또는 방출 속도, 흡착성 또는 침투성을 변형, 유지 또는 보존하기 위한 부형제를 1종 이상 포함할 수 있다. 일부 측면에서, 통상의 기술자는 세포를 함유하는 의약 조성물과 단백질을 함유하는 의약 조성물이 상이하다는 것을 이해할 것이다.
- [0406] [374] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 분말, 캡슐 또는 정제와 같은 고체이다. 예를 들어, 의약 조성물의 성분들은 동결건조될 수 있다. 일부 구체예에서, 고체 의약 조성물은 투여 전에 액체에 용해 또는 재조성된다.
- [0407] [375] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 액체, 예를 들어 수용액(예컨대 생리식염수 또는 링거액)에 용해된 변이체 CD80 폴리펩타이드이다. 일부 구체예에서, 의약 조성물의 pH는 약 4.0 내지 약 8.5 (예컨대 약 4.0 내지 약 5.0, 약 4.5 내지 약 5.5, 약 5.0 내지 약 6.0, 약 5.5 내지 약 6.5, 약 6.0 내지 약 7.0, 약 6.5 내지 약 7.5, 약 7.0 내지 약 8.0, 또는 약 7.5 내지 약 8.5)이다.

- [0408] [376] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 약학적으로 허용가능한 부형제, 예컨대 충전제, 바인더, 피복제, 보존제, 윤활제, 향료, 감미료, 색소, 용매, 완충제, 킬레이트화제 또는 안정화제를 포함한다. 약학적으로 허용가능한 충전제의 예로는 셀룰로스, 이염기성 인산칼슘, 탄산칼슘, 미정질 셀룰로스, 수크로스, 락토스, 글루코스, 만니톨, 소르비톨, 말톨, 예비호화 전분, 옥수수 전분 또는 감자 전분을 들 수 있다. 약학적으로 허용가능한 바인더의 예로는 폴리비닐피롤리돈, 전분, 락토스, 자일리톨, 소르비톨, 말티톨, 젤라틴, 수크로스, 폴리에틸렌 글리콜, 메틸 셀룰로스, 또는 셀룰로스를 들 수 있다. 약학적으로 허용가능한 피복제의 예로는 히드록시프로필 메틸셀룰로스(HPMC), 셀락, 옥수수 단백질 체인 또는 젤라틴을 들 수 있다. 약학적으로 허용가능한 붕괴제의 예로는 폴리비닐피롤리돈, 카르복시메틸 셀룰로스, 또는 글리콜산나트륨 전분을 들 수 있다. 약학적으로 허용가능한 윤활제의 예로는 폴리에틸렌 글리콜, 스테아르산 마그네슘 또는 스테아르산을 들 수 있다. 약학적으로 허용가능한 보존제의 예로는 메틸 파라벤, 에틸 파라벤, 프로필 파라벤, 벤조산 또는 소르브산을 들 수 있다. 약학적으로 허용가능한 감미료의 예로는 수크로스, 사카린, 아스파탐, 또는 소르비톨을 들 수 있다. 약학적으로 허용가능한 완충제의 예로는 카보네이트, 시트레이트, 글루코네이트, 아세테이트, 포스페이트 또는 타르트레이트를 들 수 있다.
- [0409] [377] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 주사가능한 마이크로스피어, 생체-침식성 입자, 폴리머 화합물(폴리락트산, 폴리글리콜산), 비드 또는 리포솜과 같이, 제품의 지속 방출 또는 조절 방출을 위한 물질을 더 포함한다.
- [0410] [378] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 멸균된 것이다. 멸균은 멸균 여과막 또는 주사를 통해 여과에 의해 달성될 수 있다. 조성물이 동결건조되는 경우, 이 방법을 이용한 멸균은 동결건조 전 또는 후에 수행될 수 있다. 비경구 투여용 조성물은 동결건조 형태 또는 용액으로 보관될 수 있다. 이에 더해, 비경구용 조성물은 일반적으로 예컨대 피하주사용침에 의해 침투가능한 스토퍼를 구비한 정맥 용액 백 또는 바이알과 같이, 멸균 액세스 포트를 갖는 용기 내로 투입된다.
- [0411] [379] 일부 구체예에서, 본 발명에 따라 막관통 면역조절 단백질을 발현하는 조작된 세포를 비롯한, 막관통 면역조절 단백질을 함유하는 의약 조성물이 제공된다. 일부 구체예에서, 의약 조성물s 및 제형은 1종 이상의 선택적인 약학적으로 허용가능한 담체 또는 부형제를 포함한다. 이러한 조성물은 완충제 예컨대 중성 완충된 식염수, 포스페이트 완충 염수 등; 탄수화물 예컨대 글루코스, 만노스, 수크로스 또는 텍스트란, 만니톨; 단백질; 폴리펩타이드 또는 아미노산 예컨대 글리신; 항산화제; 킬레이트화제 예컨대 EDTA 또는 글루타치온; 아췌반트 (예컨대, 수산화알루미늄); 및 보존제를 포함할 수 있다. 본 발명의 조성물은 종기로는 정맥 투여용으로 조성되는 것이 바람직하다.
- [0412] [380] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 면역조절 변이체 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 서열을 함유하는 감염 물질을 함유한다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 치료에 적합하고 대상자에게 투여하는데 적합한 양으로 감염 물질을 함유한다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 바이러스인 감염 물질 약 1×10^5 내지 약 1×10^{12} 플라크-형성 단위 (pfu), 1×10^6 내지 1×10^{10} pfu, 또는 1×10^7 내지 1×10^{10} pfu, 예컨대 적어도 또는 적어도 약 또는 약 1×10^6 , 1×10^7 , 1×10^8 , 1×10^9 , 2×10^9 , 3×10^9 , 4×10^9 , 5×10^9 pfu 또는 약 1×10^{10} pfu를 일회 또는 다회 투여량으로 함유한다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 바이러스를 약 10^5 내지 약 10^{10} pfu/mL, 예를 들어, 5×10^6 내지 5×10^9 또는 1×10^7 내지 1×10^9 pfu/mL, 예컨대 적어도 또는 적어도 약 또는 약 10^6 pfu/mL, 10^7 pfu/mL, 10^8 pfu/mL 또는 10^9 pfu/mL의 농도로 함유할 수 있다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 세균인 감염 물질을 일회 또는 다회 투여량으로 약 1×10^3 내지 약 1×10^9 콜로니-형성 단위(cfu), 1×10^4 내지 1×10^9 cfu, 또는 1×10^5 내지 1×10^7 cfu, 예컨대 적어도 또는 적어도 약 또는 약 1×10^4 , 1×10^5 , 1×10^6 , 1×10^7 , 1×10^8 또는 1×10^9 cfu의 범위로 함유한다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 세균을 약 10^3 내지 약 10^8 cfu/mL, 예를 들어, 5×10^5 내지 5×10^7 또는 1×10^6 내지 1×10^7 cfu/mL, 예컨대 적어도 또는 적어도 약 또는 약 10^5 cfu/mL, 10^6 cfu/mL, 10^7 cfu/mL 또는 10^8 cfu/mL의 농도로 함유할 수 있다.
- [0413] [381] 이러한 제형은 예컨대 정맥 주입에 적합한 형태일 수 있다. 약학적으로 허용가능한 담체는 체내 어느 조직, 장기 또는 신체 부분으로부터의 관심 세포를 체내 다른 조직, 장기 또는 신체 부분으로 전달 또는 운반하는데 관련된 약학적으로 허용가능한 물질, 조성물, 또는 비히클일 수 있다. 예를 들어, 담체는 액체 또는 고체 충전제, 희석제, 부형제, 용매 또는 캡슐화 재료, 또는 이의 조합일 수 있다. 담체의 각 성분은 제형내 다른 성분들과 공용성(compatible)이어야 한다는 점에서 "약학적으로 허용가능"하여야 한다. 담체는 또한 그것과 마주치

게 되는 체내의 어느 조직, 장기 또는 신체 일부와의 접촉에도 적합하여야 하며, 이는 담체가 그의 치료적 장점을 과도하게 상회하는 독성, 자극, 알레르기 반응, 면역원성과 같은 위험성 또는 이들의 임의의 조합을 지니는 아니됨을 의미한다.

- [0414] [382] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 대상자에게 투여된다. 일반적으로, 의약 조성물의 투여량 및 투여 경로는 표준 의약 실무에 따라 대상자의 크기와 상태에 따라 결정한다. 예를 들어, 치료적으로 유효한 투여량은 세포 배양 분석을 통해 또는 마우스, 래트, 토끼, 개, 돼지 또는 원숭이와 같은 동물 모델에서 초기에 평가될 수 있다. 동물 모델은 또한 적절한 농도 범위 및 투여 경로를 결정하는데도 이용될 수 있다. 이러한 정보는 다시 인간에 사용되기에 유용한 투여량과 투여 경로를 결정하는데 이용될 수 있다. 정확한 투여량은 치료를 요하는 대상자와 관련된 여러 인자들을 고려하여 결정된다. 투여량 및 투여의 제반사항은 활성 화합물을 충분한 수준으로 제공하고 목적하는 효과를 유지하도록 조정된다. 고려하여야 할 인자에는 대상자의 질병 상태의 위중도, 전반적인 건강 상태, 연령, 체중 및 성별, 투여 시기 및 투여 빈도, 약물 조합(들), 반응 민감도 및 치료법에 대한 응답성이 포함된다.
- [0415] [383] 장기적으로 작용하는 의약 조성물을, 특정 제형의 반감기 및 소거율에 따라 3 내지 4일마다, 매주, 또는 2주마다 투여할 수 있다. 투여 빈도는 사용된 제형 내 분자들의 약력학적 파라미터에 따라 달라진다. 전형적으로, 조성물은 소망되는 효과가 투여량에 의해 달성될 때까지 투여된다. 조성물은 따라서 경시적으로 단회 투여 또는 다회 투여(동일 또는 상이한 농도/투여량으로)를 통해 투여되거나 또는 연속 주입에 의해 투여될 수 있다. 또한 적절한 투여량의 강화가 일상적으로 이루어진다. 적절한 투여량은 적절한 투여량-반응 데이터를 사용함으로써 확인할 수 있다. 예컨대 T 세포 활성화 또는 증식, 사이토카인 합성 또는 생산(예컨대, TNF- α , IFN- γ , IL-2의 생산), 다양한 활성화 마커(예컨대, CD25, IL-2 수용체)의 유도, 염증, 관절 부종 또는 압통, C-반응성 단백질의 혈청 수준, 항-콜라겐 항체 생산, 및/또는 T 세포-의존성 항체 응답성(들)을 비롯한, 치료 효과를 가늠하기 위한 몇몇 바이오마커 또는 생리 마커를 모니터링할 수 있다.
- [0416] [384] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 대상자에게 경구, 경피(transdermally), 흡입, 정맥내, 동맥내, 근육내, 상처부위로의 직접 적용, 외과수술 부위로의 적용, 복강내, 좌약, 피하, 피내, 경피(transcutaneously), 분무, 흉강내, 뇌실내(intraventricularly), 관절내, 안내 또는 척수강내(intraspinaly)를 비롯한 임의의 경로를 통해 대상자에게 투여된다.
- [0417] [385] 일부 구체예에서, 의약 조성물의 투여량은 단일 투여량 또는 반복 투여량이다. 일부 구체예에서, 상기 투여량은 대상자에게 1일 1회, 1일 2회, 1일 3회 또는 1일 4회 또는 그 이상 주어진 다. 일부 구체예에서는, 1주일에 약 1회 이상(예컨대 약 2 또는 more, 약 3회 이상, 약 4회 이상, 약 5회 이상, 약 6회 이상, 또는 약 7회 이상) 투여된다. 일부 구체예에서, 수일, 수주일, 수개월 또는 수년의 기간에 걸쳐 복수회로 투여된다. 일부 구체예에서, 치료 코스는 약 1회 이상의 투여 (예컨대 약 2회 이상의 투여, 약 3회 이상의 투여, 약 4회 이상의 투여, 약 5회 이상의 투여, 약 7회 이상의 투여, 약 10회 이상의 투여, 약 15회 이상의 투여, 약 25회 이상의 투여, 약 40회 이상의 투여, 약 50회 이상의 투여, 또는 약 100회 이상의 투여)이다.
- [0418] [386] 일부 구체예에서, 의약 조성물의 투여량은 대상자 체중 1 kg 당 약 1 μ g 이상의 단백질(예컨대 대상자 체중 1 kg 당 약 2 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 5 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 10 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 25 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 50 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 100 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 250 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 500 μ g 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 1 mg 이상의 단백질, 대상자 체중 1 kg 당 약 2 mg 이상의 단백질, 또는 대상자 체중 1 kg 당 약 5 mg 이상의 단백질)이다.
- [0419] [387] 일부 구체예에서, 치료량의 세포 조성물이 투여된다. 일반적으로, 본 발명의 조성물의 정확한 투여량은 연령, 체중, 종양 크기, 감염 중도 또는 전이, 및 환자(대상자)의 상태 등 개체 차이를 고려하여 의사가 결정할 수 있다. 일반적으로, 조작된 세포 예컨대 본 발명에 설명된 바와 같은 T 세포를 포함하는 의약 조성물은 10^4 내지 10^9 세포/kg 체중, 예컨대 10^5 내지 10^6 세포/kg 체중 (이들 범위 사이의 모든 정수값을 포함함)의 투여량으로 투여될 수 있다. 조작된 세포 조성물 예컨대 T 세포 조성물 역시도 이러한 투여량 범위로 다회 투여될 수 있다. 세포들은 면역요법에 일반적으로 알려져 있는 주입 기술을 사용함으로써 투여할 수 있다 (예컨대, Rosenberg et al, New Eng. J. of Med. 319: 1676, 1988 참조). 이 기술 분야의 통상의 기술자라면 질병의 징후에 대해 환자를 모니터링하고 그에 따라 치료 방법을 조정함으로써 특정 환자에 대한 최적 투여량 및 처치 방법을 쉽게 결정할 수 있다.

[0420] [388] 본 발명의 치료 조성물의 투여가, 바람직하지 못한 면역 반응을 매개하거나 또는 매개할 수 있는 면역 세포를 제거, 격리 또는 불활성화시키거나; 보호적 면역 반응을 매개하거나 또는 매개할 수 있는 면역 세포를 유도, 생성 또는 턴온시키거나; 면역 세포의 물리적 또는 기능적 특징을 변화시키거나; 또는 이러한 효과들의 조합에 의해 면역학적 활성을 충분히 조절할 수 있는지를 알아보기 위한 다양한 수단이 알려져 있다. 이러한 면역학적 활성 조절의 측정 사례에는 면역세포 집단의 존부 검사(유세포분석법, 면역조직화학법, 조직학, 전자현미경, 폴리머라제 연쇄반응(PCR)을 이용); 시그널에 반응하여 증식 또는 분열하는 능력 또는 이에 대한 내성을 비롯한 면역 세포의 기능적 능력의 측정 (예컨대 항-CD3 항체, 항-T 세포수용체 항체, 항-CD28 항체, 칼슘 이오노포어, PMA (포볼 12-미리스테이트 13-아세테이트), 펩타이드 또는 단백질 항원이 로딩된 항원제시세포를 이용한 자극 후 T 세포 증식 분석법 및 3H-티미딘 인코포레이션에 기초한 펄스분석법; B 세포 증식 분석법); 다른 세포를 살해 또는 용해시키는 능력의 측정(예컨대 세포독성 T 세포 분석법); 사이토카인, 케모카인, 세포 표면 분자, 항체 및 세포의 기타 생성물의 측정(예컨대, 유세포 분석법, 효소-결합 면역흡착 분석법, 웨스턴 블롯 분석법, 단백질 마이크로어레이 분석법, 면역침전 분석법); 면역 세포 내 시그널링 경로 또는 면역 세포의 활성화의 생화학적 마커의 측정(예컨대, 티로신, 세린 또는 트레오닌 인산화의 면역침전 분석법 및 웨스턴 블롯, 폴리펩타이드 절단, 및 단백질 복합체의 형성 또는 해리; 단백질 어레이 분석법; DNA 전사, DNA 어레이 또는 분해성(subtractive) 혼성화); 아포토시스, 괴사, 또는 기타 메커니즘에 의한 세포 사멸의 측정(예컨대, 어택신 V 염색, TUNEL 분석법, DNA 래더링을 측정하기 위한 겔 전기영동법, 조직학; 형광발생 카스파제 분석법, 카스파제 기질의 웨스턴 블롯 분석법); 면역 세포에 의해 생산된 유전자, 단백질 및 기타 분자의 측정(예컨대 노던 블롯 분석법, 폴리머라제 연쇄반응, DNA 마이크로어레이, 단백질 마이크로어레이, 2-차원 겔 전기영동, 웨스턴 블롯 분석법, 효소결합 면역흡착분석법, 유세포 분석법); 및 자가면역, 신경퇴행성 및 자가 단백질 또는 자가 폴리펩타이드와 연관된 기타 질환의 개선과 같은 임상적 증상 또는 결과의 측정(임상 점수, 부가적 치료의 사용에 대한 필요성, 기능 상태, 조영 연구), 예컨대 다발경화증의 경우 재발률 또는 질병 위중도의 측정(통상의 기술자에게 알려진 임상 점수를 이용), I형 당뇨병의 경우 혈당 측정 또는 류마티스성 관절염의 경우 관절 염증을 측정하는 것을 들 수 있다.

[0421] VI. 제조 물품 및 키트

[0422] [389] 또한 본 발명에서 설명된 의약 조성물이 적절히 포장된 제조 물품도 제공된다. 본 발명에 설명된 조성물(예컨대 안과용 조성물)에 적합한 포장의 예로는 바이알(예컨대 밀봉 바이알), 베셀, 앰플, 보틀, 단지, 유연성 포장(예컨대 밀봉 마일러 또는 비닐백) 등을 들 수 있다. 이러한 제조 물품은 추가로 멸균 및/또는 밀봉될 수 있다.

[0423] [390] 또한 본원에 따라 본원에 설명된 의약 조성물(또는 제조 물품)을 포함하는 키트 역시도 제공되며, 이것은 예컨대 본원에 설명된 용도와 같은, 조성물의 사용 방법에 대한 지침(들)을 추가로 포함할 수 있다. 본원에 설명된 키트는 또한 다른 완충제, 희석제, 필터, 바늘, 시린지 및 포장 삽입물을 비롯하여 상업적 및 사용자 관점에서 바람직한 그 밖의 물질을, 본원에 설명된 임의의 방법을 수행하기 위한 지침과 함께 포함할 수도 있다.

[0424] VII. 치료 적용(THERAPEUTIC APPLICATIONS)

[0425] [391] 본원에 설명된 의약 조성물(본원에 설명된 변이체 CD80 폴리펩타이드, 면역조절 단백질, 컨쥬게이트, 및 조작된 세포를 포함하는 의약 조성물을 포함한다)은 질병 치료와 같은 다양한 치료 용도에 이용될 수 있다. 예를 들어, 일부 구체예에서 의약 조성물은 포유동물에서의 염증 또는 자가면역 질환, 암, 장기이식, 바이러스 감염 및/또는 세균 감염을 치료하는데 이용된다. 의약 조성물은 질병 치료를 위해 면역 반응을 조절(예컨대 증가 또는 감소)할 수 있다. 일부 구체예에서, 제공된 방법은 본원에 설명된 변이체 CD80 폴리펩타이드, 면역조절 단백질, 컨쥬게이트, 조작된 세포 및 감염 물질의 치료적 투여에 적용가능하다. 소망되는 면역 반응의 조절 유형, 예컨대 증가 또는 감소 유형에 맞추어 적절한 포맷을 선택하는 것은 제공된 개시 내용에 비추어, 통상의 기술자의 기술 수준 범위 내이다.

[0426] [392] 일부 구체예에서, 면역 반응을 자극하는 본원에 제공된 의약 조성물이 투여되며, 이것은 예컨대 암, 바이러스 감염 또는 세균 감염 치료시 유용할 수 있다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 변이체 CD80 폴리펩타이드를, 그의 동족 결합 파트너 CD28의 아고니스트 활성을 나타내는 포맷 및/또는 CD28을 통해 공동자극 시그널링을 자극 또는 개시하는 포맷으로 함유한다. 이러한 치료적 용도와 관련되어 사용되기 위한 CD80 폴리펩타이드의 예시적인 포맷으로는, 예를 들어, 면역조절 단백질 또는 종양 항원 (예컨대 Nkp30 또는 친화성-변형된 변이체)에 결합하는 IgSF 도메인 또는 그의 변이체 ("종양-위치화 IgSF 도메인이라고도 칭함)과 변이체 CD80 폴리펩타이드의 "적층체(stack)", 종양-표적화 모이어티 (종양-위치화 모이어티라고도 칭함)에 연결된 변이체 CD80 폴리펩타

이드를 함유하는 컨쥬게이트, 막관통 면역조절 단백질을 발현하는 조작된 세포, 또는 에컨대 감염된 세포(에컨대 종양 세포 또는 APC, 에컨대 수지상 세포)에서의 막관통 면역조절 단백질의 발현을 위해서와 같이, 막관통 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자를 포함하는 감염 물질을 들 수 있다.

- [0427] [393] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 포유동물의 암 세포 (에컨대 인간 암 세포)를 억제하는데 사용될 수 있다. 암 치료방법은 암에 걸린 대상자에게 본원에 설명된 임의의 의약 조성물의 유효량을 투여하는 것을 포함할 수 있다. 의약 조성물의 유효량을 투여하여 암을 억제, 중단하거나 암의 진행을 역전시킬 수 있다.
- [0428] [394] 본원에 설명된 의약 조성물 및 치료방법에 의해 치료가능한 암의 예로는 흑색종, 방광암, 혈액학적 종양 (백혈병, 림프종, 골수종), 간암, 뇌암, 신장암, 유방암, 췌장암(선암종), 대장암, 폐암(소세포 폐암 및 비소세포 폐암), 비장암, 흉선 또는 혈액 세포의 암(즉, 백혈병), 전립선암, 고환암, 난소암, 자궁암, 위암, 근골격계 암, 두경부암, 위장관암, 생식 세포 암, 또는 내분비 및 신경분비 암을 들 수 있다. 일부 구체예에서, 암은 유잉 육종이다. 일부 구체예에서, 암은 흑색종, 폐암, 방광암, 및 혈액학적 종양으로부터 선택된다. 일부 구체예에서, 암은 림프종, 림프성 백혈병, 골수성 백혈병, 자궁경부암, 신경아세포종, 다발성 골수종이다.
- [0429] [395] 인간 암 세포는 생체내 또는 생체외 치료될 수 있다. 인간 환자의 생체외 치료시, 암 세포를 함유하는 조직 또는 체액을 체외에서 처리한 다음 그 조직 또는 체액을 환자에게 재도입한다. 일부 구체예에서, 암은 조직적 조성물을 환자에게 투여함으로써 인간 환자의 생체내에서 치료된다.
- [0430] [396] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 단일 요법 (즉, 단일 약제로서) 또는 조합 요법 (즉, 화학 요법 약물, 암 백신, 또는 면역 체크포인트 억제제와의 조합)으로서 투여된다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 방사선 요법으로 투여될 수도 있다.
- [0431] [397] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 면역 반응을 억제하는데, 이것은 염증 또는 자가면역 질환 또는 장기이식 치료시 유용할 수 있다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 변이체 CD80 폴리펩타이드를 그의 동족 결합 파트너 CD28의 길항 활성을 나타내는 포맷 및/또는 CD28을 통해 공동자극 시그널링을 차단 또는 억제하는 포맷으로 함유한다. 이러한 치료적 용도와 관련하여 사용되기 위한 CD80 폴리펩타이드의 예시적인 포맷은, 예를 들어, 가용성인 변이체 CD80 폴리펩타이드 (에컨대 변이체 CD80-Fc 융합 단백질), 면역조절 단백질을 발현하는 조작된 세포, 또는 감염된 세포(에컨대 종양 세포 또는 APC, 에컨대 수지상 세포)에서의 분비가능한 면역조절 단백질의 발현 및 분비를 위한 것과 같이, 분비가능한 면역조절 단백질을 인코딩하는 핵산 분자를 포함하는 감염 물질을 함유한다.
- [0432] [398] 일부 구체예에서, 염증 또는 자가면역 질환은 항호중구 세포질 항체 (ANCA)-관련 혈관염, 혈관염, 자가면역 피부 질환, 이식, 류마티스성 질환, 염증성 위장관 질환, 염증성 안질환, 염증성 신경 질환, 염증성 폐질환, 염증성 내분비 질환, 또는 자가면역 혈액학적 질환이다.
- [0433] [399] 일부 구체예에서, 본원의 의약 조성물에 의해 치료될 수 있는 염증 또는 자가면역 질환은 애디슨병, 알레르기, 탈모증, 알츠하이머, 항-호중구 세포질 항체 (ANCA)-관련 혈관염, 강직성 척추염, 항인지질 증후군 (휴증후군), 천식, 죽상동맥경화증, 류마티스성 관절염, 자가면역 용혈성 빈혈, 자가면역 간염, 자가면역 내이질환, 자가면역 림프구증식 증후군, 자가면역 심근염, 자가면역 난소염, 무정자증, 베체트병, 버거병, 수포성 천포창, 심근병증, 심혈관 질환, 셀리악 스프루/셀리악 병, 만성피로 면역부전 증후군(CFIDS), 만성특발성 다발신경염, 만성염증성 탈수초증, 다발성 신경병증(CIPD), 만성 재발성 다발성 신경병증 (길랭-바레 증후군), 척추-스트라우스 증후군 (CSS), 간질성 천포창, 저온응집소병(CAD), COPD (만성폐쇄성 폐질환), CREST 증후군, 크론병, 피부염, 포진피부염, 피부근육염, 당뇨병, 원반 낭창, 습진, 증식물집표피박리증, 필수 혼합형 저온 글로불린혈증, 에반 증후군, 외전 발작, 섬유근통, 굿파스처 증후군, 그레이브병, 하시모토 갑상선염, 특발성 폐섬유증, 특발성 혈소판 감소증 자반병 ITP), IgA 신증, 면역증식성 질환 또는 장애, 염증성 장질환 (IBD), 간질성 폐질환, 청소년 관절염, 청소년 특발성 관절염 (JIA), 가와사키병, 램버트-이튼 근무력 증후군, 편평태선, 루푸스 신장염, 림프구성 리포피시티스, 메니에르병, 밀러 피쉬 증후군/급성 파종뇌척수염, 혼합 연결조직 질환, 다발경화증(MS), 근육 류마티즘, 근육통성 뇌척수염 (ME), 중증 근무력증, 눈의 염증, 낙엽천포창, 보통 천포창, 악성빈혈, 결절다발동맥염, 다발연골염, 다분비성 증후군(휘태커 증후군), 류마티스성 다발근육통, 다발근육염, 프라이머리 아감마글루블린혈증, 일차담관경화증/자가면역 담도감염병증, 건선, 건선 관절염, 레이노 현상, 라이터 증후군/반응성 관절염, 재협착, 류마티스성 발열, 류마티스 질환, 사코이드증, 슈미트 증후군, 공포증, 셰그렌 증후군, 강직증후군, 전신홍반루푸스(SLE), 전신 공포증, 타카야스 관절염, 일시적 관절염/자이언트 세포 동맥염, 갑상선염, I형 당뇨병, 췌양성 대장염, 포도막염, 혈관염, 백반증, 간질성 장질환 또는 베게

너 육아종증이다. 일부 구체예에서, 염증 또는 자가면역 질환은 간질성 장질환, 이식, 크론병, 궤양성 대장염, 다발경화증, 천식, 류마티스성 관절염 및 건선으로부터 선택된다.

[0434] [400] 일부 구체예에서, 의약 조성물은 자가면역 상태를 조절하기 위해 투여된다. 예를 들어, 공여자로부터의 조직, 세포 또는 장기이식을 수혜자가 거부하는 것을 억제하는 방법에 있어서 면역 반응을 억제하는 것이 이용될 수 있다. 그러므로, 일부 구체예에서, 본원에 설명된 의약 조성물은 이식편 대 숙주 질환(GVHD)와 같은 이식편-관련 또는 이식 관련 질병 또는 장애를 제한 또는 예방하는데 사용된다. 일부 구체예에서, 의약 조성물은 이식 또는 식립된(transplanted, grafted) 골수, 장기, 피부, 신경, 아일렛 또는 실질 세포(parenchymal cells)의 자가면역 거부를 억제하는데 이용된다.

[0435] [401] 본원에 설명된 조작된 세포를 포함하는 의약 조성물 및 방법은 입양 세포 전달 용도에 사용될 수 있다. 일부 구체예에서, 조작된 세포를 포함하는 세포 조성물은 예를 들어 포유동물의 암 치료 또는 다른 구체예에서 자가면역 질환의 치료에 대한 면역요법 접근에서 면역학적 활성을 조절하는 관련 방법에 사용될 수 있다. 사용된 방법은 일반적으로 친화성 변형된 IgSF 도메인의 특이적 결합 및 포유동물 세포의 면역학적 활성의 조절을 허용하는 조건 하에서 포유동물 세포와 본 발명의 TIP를 접촉시키는 방법을 포함한다. 일부 구체예에서, 면역 세포 (예컨대 종양 침윤 림프구 (TIL), T-세포 (CD8+ 또는 CD4+ T-세포 포함), 또는 APC)를 조작하여 본 발명에 설명된 가용성 변이체 CD80 폴리펩타이드, 면역조절 단백질, 또는 컨주게이트 및/또는 막 단백질로서 발현시킨다. 이어서 조작된 세포를 APC, 제2 림프구 또는 종양 세포와 같이, 면역활성 조절이 요망되는 포유동물 세포와, 친화성 변형된 IgSF 도메인을 상기 포유동물 세포에서 친화성 변형된 IgSF 도메인의 카운터-구조에 대한 특이적 결합을 허용하는 조건 하에서 접촉시킴으로써 면역학적 활성을 상기 포유동물 세포에서 조절할 수 있다. 세포는 생체내 또는 생체외에서 접촉될 수 있다.

[0436] [402] 일부 구체예에서, 조작된 세포는 자가(autologous) 세포이다. 또 다른 구체예에서, 세포는 동종이계이다. 일부 구체예에서, 세포는 그것이 분리되었던 포유동물 내로 재주입되는 조작된 자가 세포이다. 일부 구체예에서, 세포는 포유동물 내로 주입되는 조작된 동종이계 세포이다. 일부 구체예에서, 세포는 환자의 혈액 또는 종양으로부터 수확되어, 폴리펩타이드를 발현하도록 조작되고(예컨대 본원에 설명된 변이체 CD80 폴리펩타이드, 면역조절 단백질, 또는 컨주게이트), 시험관내 배양 시스템에서 증식된 다음(예를 들어 세포 자극에 의해), 종양 파괴를 매개하도록 환자에게 재주입된다. 일부 구체예에서, 이러한 방법은 입양세포 전달에 의해 수행되는데 이 방법에서는 TIP를 발현하는 세포(예컨대 T-세포)를 환자에게 재주입한다. 일부 구체예에서, 본 발명의 치료 조성물 및 방법은 림프종, 림프성 백혈병, 골수성 백혈병, 자궁내막암, 신경모세포종, 또는 다발성 골수종과 같은 암에 걸린 포유동물 환자를 치료하는데 사용된다.

[0437] VIII. 예시적인 구체예

[0438] [403] 본원에서 제공되는 구체예들은 다음과 같다:

[0439] 1. IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편, IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편, 또는 양자 모두를 포함하는 변이체 CD80 폴리펩타이드로서, 여기서 상기 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 또는 그의 특이적 결합 단편 내에 하나 이상의 아미노산 변형을, SEQ ID NO: 28의 numbering을 참조로 대응하는 위치(들) 4, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 24, 25, 27, 28, 29, 30, 31, 33, 36, 37, 38, 40, 41, 42, 43, 44, 47, 48, 50, 52, 53, 54, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 72, 74, 76, 77, 80, 81, 83, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 99, 102, 103, 104, 107, 108, 109, 110, 114, 115, 116, 117, 118, 120, 121, 122, 126, 127, 128, 129, 130, 133, 137, 140, 142, 143, 144, 148, 149, 152, 154, 160, 162, 164, 168, 169, 174, 175, 177, 178, 183, 185, 188, 190, 192, 193, 또는 199에 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0440] 2. 구체예 1에서, 하나 이상의 아미노산 변형은 하나 이상의 아미노산 치환, 삽입 또는 결실을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0441] 3. 구체예 1 또는 구체예 2에서, 비변형 CD80은 포유동물 CD80인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0442] 4. 구체예 1-3 중 어느 하나의 구체예에 있어서, CD80은 인간 CD80인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0443] 5. 구체예 1-4 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는:

[0444] IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편; 및

- [0445] IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편
- [0446] 을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0447] 6. 구체에 1-5 중 어느 하나의 구체에 있어서, 비변형 CD80은 (i) SEQ ID NO:28에 제시된 아미노산 서열, (ii) SEQ ID NO:28에 대해 적어도 95% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하거나; 또는 (iii) IgV 도메인 또는 IgC 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함하는 그의 일부를 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0448] 7. 구체에 1-6 중 어느 하나의 구체에 있어서:
- [0449] IgV 도메인 또는 IgC 도메인의 특이적 결합 단편은 적어도 50, 60, 70, 80, 90, 100, 110 또는 그 이상의 아미노산 길이를 갖고;
- [0450] IgV 도메인의 특이적 결합 단편은 SEQ ID NO:1의 아미노산 35-135로서 제시된 IgV 도메인의 길이의 적어도 80%인 길이를 포함하거나; 또는
- [0451] IgC 도메인의 특이적 결합 단편은 SEQ ID NO:1의 아미노산 145-230으로서 제시된 IgC 도메인의 길이의 적어도 80%인 길이를 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0452] 8. 구체에 1-7 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 최대 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 또는 20개의 아미노산 변형, 선택적으로 아미노산 치환을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0453] 9. 구체에 1-8 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 SEQ ID NO: 28, 또는 그의 특이적 결합 단편에 대해 적어도 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0454] 10. 구체에 1-9 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80은 비변형 CD80에 비해 CD28의 엑토도메인, PD-L1, 또는 CTLA-4에 대해 변경된 특이성을 나타내는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0455] 11. 구체에 9에 있어서, 변경된 결합은 변경된 결합 친화성 및/또는 변경된 결합 선택성인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0456] 12. 구체에 1-11 중 어느 하나의 구체에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M, K9E, E10R, V11S, A12G, A12T, A12V, T13N, L14A, S15V, S15F, C16S, C16G, C16L, G17W, H18L, H18R, H18Y, V20L, S21P, V22A, E24G, L25P, Q27R, T28A, T28S, R29C, R29D, R29H, R29V, I30V, Y31F, Y31H, Y31L, Q33H, K36E, K36G, K37E, K37Q, M38I, M38L, M38T, M38V, L40M, T41A, T41G, T41D, T41I, M42T, M43I, M43Q, M43R, M43V, S44P, M47T, N48D, N48I, W50G, E52G, Y53C, K54M, F59L, F59S, D60V, I61N, T62S, N63S, N64S, L65H, S66H, I67F, I67T, V68A, V68M, I69T, L70Q, L70P, L70R, L72P, P74L, D76G, E77G, E77K, Y80N, E81A, E81R, E81V, V83A, V83I, L85I, L85R, K86E, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90L, D90N, A91E, A91G, A91S, A91T, F92L, F92N, F92P, F92Y, K93I, K93E, K93Q, K93R, K93V, R94G, R94L, R94F, E95K, H96R, L97R, E99D, E99G, L102S, S103L, S103P, V104A, V104L, D107N, F108L, P109S, P109H, T110A, S114T, D115G, F116S, F116L, E117V, E117G, I118V, I118A, I118T, T120S, S121P, N122S, I126L, I126V, I127T, C128Y, C128R, S129L, S129P, T130A, G133D, P137L, S140T, L142S, E143G, N144D, N144S, L148S, N149D, N149S, N152T, T154I, T154A, E160G, E162G, Y164H, S168G, K169E, K169I, K169S, M174T, M174V, T175A, N177S, H178R, L183H, K185E, H188D, H188Q, R190S, N192D, Q193L, T199S, 또는 그의 보존적 아미노산 치환인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0457] 13. 구체에 1-12 중 어느 하나의 구체에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M/L70Q/A91G/T120S/T130A, A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, A12V/S15F/Y31H/T41G/T130A/P137L/N152T, V20L/L70Q/A91S/T120S/T130A, V22A/L70Q/S121P, E24G/L25P/L70Q/T120S, T28S/L70Q/A91G/E95K/T120S/T130A, E24G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/H96R, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, R29H/E52G/L70R/E88G/A91G/T130A,

R29H/E52G/T120S/T130A, R29V/Y31F/K36G/M38L/M43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G, R29V/M43Q/E81R/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G, Y31H/T41G/L70Q/A91G/T120S/T130A, K36G, K36G/K37Q/M38I/L40M, K36G/K37Q/M38I/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99G/T130A/N149S, K36E/I67T/L70Q/A91G/T120S/T130A/N152T, K37E/F59S/L70Q/A91G/T120S/T130A, M38T/L70Q/E77G/A91G/T120S/T130A/N152T, M38V/T41D/M43I/W50G/D76G/V83A/K89E/T120S/T130A, T41I/A91G, S44P/L70Q/A91G/T130A, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, K54M/A91G/T120S, D60V/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, S66H/D90G/T110A/F116L, I67F/L70R/E88G/A91G/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, V68A/T110A, V68M/L70P/L72P/K86E, L70Q/A91G/T110A/T120S/T130A, L70Q/E81A/A91G/T120S/I127T/T130A, L70Q/Y87N/A91G/T130A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/E117G/T120S/T130A, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/T130A, L70Q/A91G/I118A/T20S/T130A, L70R/A91G/T120S/T130A, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89E/T130A, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S A91G, A91G/F92L/F108L/T120S, A91G/L102S, A91G/S103P, A91G/T120S/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/M174T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D, H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/E143G/K169E/M174V/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/T120S/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/C128Y/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/K169E, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93I/R94L/L97R/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93I/R94L/L97R/T130A/L148S, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/T120S/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/F92P/K93V/R94F/I118V/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/T175A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F116S/T130A/H188D, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/L142S/H188D, C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/H188D,

R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/T120S/I127T/T130A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/S103L/T120S/I127T/T130A,
Q33del/Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/I127T/T130A/K169E,
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T120S/T130A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/S129L/H188D,
K9E/E10R/V11S/A12G/T13N/K14A/S15V/C16L/G17W/H18Y/Y53C/L70Q/ D90G/T130A/N149D/N152T/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H18
8D, K89E/K93E/T130A,
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/P109H/I126L/
K169I, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/
P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R,
S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/D90N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N
149S/E162G,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/P74L/Y80N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
T130A/R190S,
C16G/V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/D76G/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T
130A/S140T/N149S/K169I/H178R/N192D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H18
8Q, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/
I118T/T130A/N149S/K169I,
V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A
/G133D/N149S, S129P, A91G/S129P, I69T/L70Q/A91G/T120S, Y31H/S129P,
T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/ V104L/T130A/N149S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
T130A/N149S/T154I,
A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
L97R/T130A/L183H,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K16
9S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q19
3L, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/
I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I,
I118T/C128R, Q27R/R29C/M42T/S129P/E160G, S129P/T154A, S21P/L70Q/D90G/T120S/T130A, L70Q/A91G/N144D,
L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A/K169E, V4M/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E,
L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A, V20L/L70Q/A91S/I118V/T120S/T130A,
L70Q/A91G/E117G/I118V/T120S/T130A, A91G/I118V/T120S/T130A, L70R/A91G/I118V/T120S/T130A/T199S,
L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A, T28S/L70Q/A91G/E95K/I118V/T120S/I126V/T130A/K169E,
N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, K36E/I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/N152T,
E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, K37E/F59S/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K185E,
D60V/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, K54M/L70Q/A91G/Y164H, M38T/L70Q/E77G/A91G/I118V/T120S/T130A/N152T,
Y31H/T41G/M43L/L70Q/A91G/I118V/T120S/I126V/T130A, Y31H/T41G/M43L/L70Q/A91G/I118V/T120S/I126V/T130A,
L65H/D90G/T110A/F116L, R29H/E52G/D90N/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S,
L70Q/A91G/T110A/I118V/T120S/T130A, M38V/T41D/M43I/W50G/D76G/V83A/K89E/I118V/T120S/I126V/T130A,

A12V/S15F/Y31H/M38L/T41G/M43L/D90N/T130A/P137L/N149D/N152T, I67F/L70R/E88G/A91G/I118V/T120S/T130A,
E24G/L25P/L70Q/A91G/I118V/T120S/N152T, E24G/L25P/L70Q/A91G/I118V/T120S/N152T,
A91G/F92L/F108L/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S,
K36G/K37Q/M38I/L40M/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99G/T130A/N149S, K36G/L40M,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K16
9E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E/M17
4T,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48D/F59L/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T
/T130A/H188D,
H18R/R29D/Y31L/Q33H/K36G/K37E/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/
T130A/K169E/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/E143G/K169E/M174V/H188D,
R29D/I30V/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H18
8D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E/H1
88D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/F108L/I118V/T120S/T130A/K16
9E/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/N149
D/K169E/H188D,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A
/K169E/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/C128Y/T13
0A/H188D, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/E99D/T130A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A
/K169E,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/I61N/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/V104A/I118V/T120S/I126
V/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118V/T120S/T130A,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118V/T120S/T130A
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169
E/T175A,
H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130
A/L142S/H188D,
C16S/H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T110A/I118V/H188
D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D,
R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/L70Q/D76G/A91G/S103L/I118V/T120S/I127T/T130A,
Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
Y53C/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/K169E,
T62S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/T130A/K169E, Y53C/L70Q/D90G/T130A/N149D/N152T/H188

D, Y53C/L70Q/D90G/T130A/N149D/N152T/H188D, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D, 또는 H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

- [0458] 14. 구체예 1-13 중 어느 하나의 구체예에 있어서, SEQ ID NOS: 55-108, 280-346, 414-475 또는 그의 특이적 결합 단편 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열, 또는 SEQ ID NOS: 55-108, 280-346, 414-475 또는 그의 특이적 결합 단편 중 어느 하나에 대해 적어도 95% 서열 동일성을 나타내고 하나 이상의 아미노산 치환을 함유하는 아미노산 서열을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0459] 15. 구체예 1-14 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인 또는 그의 특이적 결합 단편을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0460] 16. 구체예 1-15 중 어느 하나의 구체예에 있어서, IgV 도메인 또는 그의 특이적 단편은 변이체 CD80 폴리펩타이드의 유일한 CD80 부분인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0461] 17. 구체예 1-14 중 어느 하나의 구체예에 있어서, IgC 도메인 또는 그의 특이적 단편은 변이체 CD80 폴리펩타이드의 유일한 CD80 부분인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0462] 18. 구체예 1-17 중 어느 하나의 구체예에 있어서, SEQ ID NOS: 153-195, 347, 373-386, 476-477 또는 그의 특이적 결합 단편 중 어느 하나에 제시된 아미노산 서열, SEQ ID NOS: 153-195, 347, 373-386, 476-477 또는 그의 특이적 결합 단편 중 어느 하나에 대해 적어도 95% 서열 동일성을 나타내고 하나 이상의 아미노산 치환을 함유하는 아미노산 서열을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0463] 19. 구체예 1-17 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 CD28의 엑토도메인, PD-L1, 또는 CTLA-4에 대해 증가된 친화성으로 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0464] 20. 구체예 1-19 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 폴리펩타이드는 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합에 비해 CD28의 엑토도메인, PD-L1 또는 CTLA-4에 대해 증가된 선택성으로 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0465] 21. 구체예 20에 있어서, 증가된 선택성은 하나의 동족 결합 파트너 대 또 다른 동족 결합 파트너에 대한 비변형 CD80 폴리펩타이드의 결합 비율과 비교하여, CD28, PD-L1 및 CTLA-4로부터 선택된 하나의 동족 결합 파트너 대 또 다른 동족 결합 파트너의 비율이 더 큰 것을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0466] 22. 구체예 19 또는 구체예 20에 있어서, 변이체 폴리펩타이드는 CD28의 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합에 비해 증가된 선택성으로 CD28의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0467] 23. 구체예 22, 증가된 선택성은 CD28 대PD-L1 또는 CTLA-4에 대한 비변형 CD80 폴리펩타이드의 결합 비율에 비해 CD28 대 PD-L1 또는 CTLA-4에 대해 더 큰 비율을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0468] 24. 구체예 21 또는 구체예 23에 있어서, 상기 비율은 적어도 또는 적어도 약 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5배, 10배, 15배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 그 이상 더 큰 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0469] 25. 구체예 1-24 중 어느 하나에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0470] 26. 구체예 19 또는 구체예 25에 있어서, 엑토도메인에 대한 증가된 친화성은 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합 친화성에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 60배 이상 증가된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0471] 27. 구체예 1-26 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 12, 18, 20, 29, 31, 36, 40, 41, 43, 52, 59, 60, 63, 67, 70, 77, 81, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 109, 114, 117, 118, 120, 122, 127, 130, 144, 169, 177 또는 199 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0472] 28. 구체예 1-27 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T, H18L, V20L, R29H,

Y31H, K36G, T41G, T41I, M43V, E52G, F59L, D60V, N63S, I67T, L70Q, L70R, E77K, E81A, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, L40M, A91G, A91S, F92Y, K93R, D107N, P109S, S114T, E117G, I118A, I118T, I118V, T120S, I127T, T130A, N144D, K169E, N177S, 및 T199S으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것 및 그의 보존적 아미노산 치환인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0473] 29. 구체예 1-28 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, V20L/L70Q/A91S/T120S/T130A, V20L/L70Q/A91S/I118V/T120S/T130A, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, T41I/A91G, E52G/L70/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, D60V/A91G/T120S/T130A, D60V/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, L70Q/E81A/A91G/T120S/I127T/T130A, L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/T130A, L70Q/Y87N/A91G/T130A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/E117G/T120S/T130A, L70Q/A91G/E117G/I118V/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118A/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70R/A91G/T120S/T130A, L70R/A91G/I118V/T120S/T130A/T199S, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0474] 30. 구체예 1-29 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0475] 31. 구체예 30에 있어서, 엑토도메인에 대한 증가된 친화성은 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합 친화성에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 60배 이상 증가된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0476] 32. 구체예 1-31 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합에 비해 증가된 선택성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0477] 33. 구체예 32에 있어서, 증가된 선택성은 PD-L1 대 CD28 또는 CTLA-4에 대한 비변형 CD80 폴리펩타이드의 결합 비율에 비해 PD-L1 대 CD28 또는 CTLA-4에 대한 결합 비율이 더 큰 것을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0478] 34. 구체예 33에 있어서, 상기 비율은 적어도 또는 적어도 약 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5배, 10배, 15배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 그 이상 더 큰 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0479] 35. 구체예 1-34 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 12, 18, 29, 31, 33, 36, 38, 40, 41, 42, 43, 47, 48, 59, 64, 67, 68, 70, 77, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 97, 104, 109, 115, 117, 118, 120, 122, 126, 130, 133, 140, 144, 148, 149, 168, 178, 183, 188 또는 193 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0480] 36. 구체예 1-35 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12G, A12T, H18L, S21P, V22A, T28A, R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, M38L, L40M, T41A, T41G, M42T, M43R, M43V, M47T, N48I, F59L, N64S, I67T, V68A, V68M, L70Q, E77K, E81V, L85R, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89N, K89R, D90K, D90N, A91G, A91T, F92P, F92Y, K93V, R94F, R94L, L97R, S103L, S103P, V104L, P109H, P109S, D115G, E117V, I118T, I118V, T120S, N122S, I126L, T130A, G133D, S140T, N144S, L148S, N149S, S168G, K169I, K169S, N177S, H178R, L183H, H188Q, R190S 및 Q193L, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

[0481] 37. 구체예 1-36 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S,

I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118V/T120S/I127T/T130A/H188D, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S/R190S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/E117V/I118T/N149S/S168G/H188Q, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N64S/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/I118T/T130A/N149S/K169I, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/D115G/I118T/T130A/G133D/N149S, T28A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/V104L/T130A/N149S, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/N149S/H188Q, K89E/T130A, K89E/K93E/T130A, S21P/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/N48I/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/S21P/N48I/V68A/P109H/I126L/K169I, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68M/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A, H18L/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/T130A/N149S, A12G/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/V68A/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L97R/T130A/L183H, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/S140T/N149S/K169S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I/Q193L, V22A/R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/T130A/N149S/K169I, 또는 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94F/T130A/N149S/K169I인 것이 변이체 CD80 폴리펩타이드.

- [0482] 38. 구체예 1-37 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인 및 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것이 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0483] 39. 구체예 1-38 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 12, 18, 36, 40, 43, 59, 77, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 109, 118, 122, 또는 177 위치(들)에 대응하는 것이 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0484] 40. 구체예 1-39 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T, H18L, K36G, L40M, M43V, F59L, E77K, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118T, N112S, N177S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것이 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0485] 41. 구체예 1-40 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T, K36G, K36G/L40M, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R/N122S/N177S인 것이 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0486] 42. 구체예 1-41 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비

해 증가된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

- [0487] 43. 구체예 42에 있어서, 엑토도메인에 대한 증가된 친화성은 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합 친화성에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 60배 증가된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0488] 44. 구체예 1-43 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 폴리펩타이드는 엑토도메인에 대한 비변형 CD80의 결합에 비해 증가된 선택성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0489] 45. 구체예 44에 있어서, 증가된 선택성은 CTLA-4 대 CD28 또는 PD-L1에 대한 비변형 CD80 폴리펩타이드의 결합 비율에 비해 CTLA-4 대 CD28 또는 PD-L1에 대해 더 큰 결합 비율을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0490] 46. 구체예 45에 있어서, 상기 비율은 적어도 또는 적어도 약 1.5배, 2.0배, 3.0배, 4.0배, 5배, 10배, 15배, 20배, 30배, 40배, 50배 또는 그 이상 더 큰 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0491] 47. 구체예 1-46 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 4, 29, 31, 36, 40, 41, 52, 67, 68, 70, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 109, 110, 118, 120, 130, 144, 또는 169 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0492] 48. 구체예 1-47 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M, R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, E52G, I67T, V68A, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90K, D90N, A91G, F92Y, K93R, D107N, P109S, T110A, I118V, T120S, T130A, N144D, 및 K169E 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0493] 49. 구체예 1-48 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 V4M/L70Q/A91G/T120S/T130A, V4M/L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, V68A/T110A, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G/T130A, K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, A91G/I118V/T120S/T130A, 또는 A91G/T120S/T130A인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0494] 50. 구체예 1-49 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인 및 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0495] 51. 구체예 1-50 중 어느 하나의 구체예에 있어서 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 36, 40, 52, 70, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 107, 118, 120, 130, 144, 또는 169 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0496] 52. 구체예 1-51 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, L40M, E52G, L70Q, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, D107N, I118V, T120S, T130A, N144D, 및 K169E, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0497] 53. 구체예 1-52 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, K36G/L40M, K36G/L40M, K36G/L40M, E52G/L70Q/A91G/T120S/T130A, E52G/L70Q/A91G/D107N/I118V/T120S/T130A/K169E, L70Q/A91G, L70Q/A91G/N144D, L70Q/A91G/T120S/T130A, L70Q/A91G/I118V/T120S/T130A/K169E, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0498] 54. 구체예 1-53 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인 및 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0499] 55. 구체예 1-54 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 29, 31, 36, 40, 41, 67, 70, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 109, 118, 120, 122, 130, 또는 178 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

- [0500] 56. 구체예 1-55 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29H, Y31H, K36G, L40M, T41G, I67T, L70Q, Y87N, E88D, E88G, K89E, K89R, D90N, D90K, A91G, F92Y, K93R, P109S, I118V, T120S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0501] 57. 구체예 1-56 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, K36G, K36G/L40M, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0502] 58. 구체예 1-57 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인, PD-L1의 엑토도메인, 및 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0503] 59. 구체예 1-58 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 36, 40, 88, 89, 90, 91, 92, 또는 93 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0504] 60. 구체예 1-59 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, L40M, E88D, K89R, D90K, A91G, F92Y, K93R, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0505] 61. 구체예 1-60 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 K36G, K36G/L40ME88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R, 또는 K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0506] 62. 구체예 1-41 중 어느 하나의 구체예에 있어서:
- [0507] 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인 또는 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 및
- [0508] 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0509] 63. 구체예 1-41 및 62 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 넘버링을 참조로 29, 31, 33, 36, 38, 41, 42, 43, 47, 63, 67, 70, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 109, 114, 118, 120, 127, 130, 144, 148, 또는 149 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0510] 64. 구체예 1-41, 62, 및 63 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, T41G, M42T, M43R, M47T, N63S, I67T, L70Q, E81A, E81V, L85R, Y87N, E88G, K89E, K89N, D90N, A91G, A91T, F92P, K93V, R94L, P109S, S114T, I118T, I118V, T120S, I127T, T130A, N144S, L148S, 및 N149S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0511] 65. 구체예 1-41 및 62-64 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A 또는 L70Q/Y87N/A91G/T120S/I127T/T130A인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0512] 66. 구체예 1-41 및 62-65 중 어느 하나의 구체예에 있어서:
- [0513] 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 및
- [0514] 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0515] 67. 구체예 1-41 및 62-66 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 63, 70, 81, 87, 91, 114, 118, 120, 127, 또는 130 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0516] 168. 구체예 1-41, 및 62-67 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 N63S, L70Q, E81A, Y87N, A91G, S114T, I118V, T120S, I127T, 및 T130A, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

- [0517] 69. 구체예 1-41, 및 62-67 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, N63S/L70Q/A91G/T120S/T130A, N63S/L70Q/A91G/S114T/I118V/T120S/T130A, I67T/L70Q/A91G/T120S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S, 또는 L70Q/Y87N/A91G/T120S/I127T/T130A인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드..
- [0518] 70. 구체예 1-41 및 62-69 중 어느 하나의 구체예에 있어서:
- [0519] 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 및
- [0520] 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0521] 71. 구체예 1-41 및 62-70 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 29, 31, 33, 36, 38, 41, 42, 43, 47, 67, 70, 81, 85, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 109, 118, 120, 144, 148, 또는 149 위치(들)에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0522] 72. 구체예 1-41, 및 62-71 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D, R29H, Y31H, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, T41G, M42T, M43R, M47T, I67T, L70Q, E81V, L85R, Y87N, E88G, K89E, K89N, D90N, A91G, A91T, F92P, K93V, R94L, P109S, I118T, I118V, T120S, N144S, L148S, 및 N149S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0523] 73. 구체예 1-41, 및 62-72 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M42T/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/L148S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/I118T/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N144S/N149S, R29D/Y31L/Q33H/K36G/M38I/T41A/M43R/M47T/E81V/L85R/K89N/A91T/F92P/K93V/R94L/N149S, R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S, I67T/L70Q/A91G/I118V/T120S 또는 I67T/L70Q/A91G/T120S인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0524] 74. 구체예 1-41 및 62-73 중 어느 하나의 구체예에 있어서:
- [0525] 변이체 CD80 폴리펩타이드는, 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 증가된 친화성으로 CD28의 엑토도메인 및 PD-L1의 엑토도메인에 특이적으로 결합하고, 및
- [0526] 변이체 CD80 폴리펩타이드는 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 감소된 친화성으로 CTLA-4의 엑토도메인에 특이적으로 결합하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0527] 75. 구체예 1-41 및 62-74 변이체 CD80 폴리펩타이드, 하나 이상의 아미노산 치환은 SEQ ID NO: 28의 위치(들) 70, 81, 87, 91, 또는 120에 대응하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0528] 76. 구체예 1-41, 및 62-75 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 하나 이상의 아미노산 치환은 L70Q, Y87N, A91G, 및 T120S, 및 그의 보존적 아미노산 치환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0529] 77. 구체예 10-76 중 어느 하나의 구체예에 있어서, CD28은 인간 CD28인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0530] 78. 구체예 10-77 중 어느 하나의 구체예에 있어서, PD-L1은 인간 PD-L1인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0531] 79. 구체예 10-78 중 어느 하나의 구체예에 있어서, CTLA-4는 인간 CTLA-4인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0532] 80. 구체예 1-79 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 결합 활성은 비변형 CD80 폴리펩타이드에 비해 1.2배, 1.5배, 2배, 3배, 4배, 5배, 6배, 7배, 8배, 9배, 10배, 20배, 30배 40배 또는 50배 이상 변경된(증가 또는 감소된) 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0533] 81. 구체예 1-80 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 가용성 단백질인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.

- [0534] 82. 구체예 1-81 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 멀티머화 도메인에 연결된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0535] 83. 구체예 1-81 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 멀티머 폴리펩타이드, 선택적으로, 멀티머화 도메인에 연결된 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 멀티머화 도메인에 연결된 제2 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는, 다이머 폴리펩타이드인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0536] 84. 구체예 83에 있어서, 제1 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 제2 변이체 CD80 폴리펩타이드는 동일 또는 상이한 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0537] 85. 구체예 82-84 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 멀티머화 도메인은 이펙터 기능이 감소된 Fc 도메인 또는 그의 변이체인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0538] 86. 구체예 1-85 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 상기 폴리펩타이드의 생물학적 반감기를 증가시키는 모이어티에 연결된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0539] 87. 구체예 1-86 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 이펙터 기능이 감소된 Fc 도메인 또는 그의 변이체에 연결된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0540] 88. 구체예 85-87 중 어느 하나의 구체예에 있어서:
- [0541] Fc 도메인은 포유동물, 선택적으로 인간이고; 또는
- [0542] 변이체 Fc 도메인은 포유동물, 선택적으로 인간인 비변형 Fc 도메인에 비해 하나 이상의 아미노산 변형을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0543] 89. 구체예 85-88 중 어느 하나의 구체예에 있어서, Fc 도메인 또는 그의 변이체는 SEQ ID NO:226 또는 SEQ ID NO:227에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO:226 또는 SEQ ID NO:227에 대해 적어도 85% 서열 동일성을 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0544] 90. 구체예 82-89 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 링커를 통해 간접적으로 연결된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0545] 91. 구체예 1-90 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드의 세포외 도메인 (ECD) 또는 그의 특이적 결합 단편에 연결된 막관통 도메인을 더 포함하는 막관통 면역조절 단백질인 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0546] 92. 구체예 91에 있어서, 막관통 도메인은 SEQ ID NO: 1의 잔기 243-263에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO: 1의 잔기 243-263에 대해 적어도 85% 서열 동일성을 나타내는 그의 기능성 변이체를 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0547] 93. 구체예 91 또는 구체예 92에 있어서, 막관통 도메인에 연결된 세포질 도메인을 더 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0548] 94. 구체예 93에 있어서, 세포질 도메인은 SEQ ID NO: 1의 잔기 264-288에 제시된 아미노산 서열 또는 SEQ ID NO: 1의 잔기 264-288에 대해 적어도 85% 서열 동일성을 나타내는 그의 기능성 변이체를 포함하는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0549] 95. 구체예 1-94 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80은 시험관내 일차 T-세포 분석에서 비변형 CD80에 비해 IFN-감마 (인터페론-감마) 발현을 증가시키는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0550] 96. 구체예 1-95 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80은 시험관내 일차 T-세포 분석에서 비변형 CD80에 비해 IFN-감마 (인터페론-감마) 발현을 감소시키는 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0551] 97. 구체예 1-96 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 탈글리코실화된 것인 변이체 CD80 폴리펩타이드.
- [0552] 98. 면역글로불린 슈퍼패밀리 (IgSF) 도메인을 포함하는 제2 폴리펩타이드에 연결된 구체예 1-97 중 어느 하나의 구체예에 기재된 변이체 CD80을 포함하는 면역조절 폴리펩타이드.
- [0553] 99. 구체예 98에 있어서, IgSF 도메인은 친화성 변형된 것이고 비변형 또는 야생형 IgSF 도메인에 비해 하나 이상의 그의 동족 결합 파트너(들)에 대해 변경된 결합을 나타내는 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0554] 100. 구체예 99에 있어서, IgSF 도메인은 비변형 또는 야생형 IgSF 도메인에 비해 하나 이상의 그의 동족 결합

파트너(들)에 대해 증가된 결합을 나타내는 것인 면역조절 폴리펩타이드.

- [0555] 101. 구체에 98-100 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80은 제1 변이체 CD80이고 제2 폴리펩타이드의 IgSF 도메인은 구체에 1-97 중 어느 하나의 구체에 기재된 제2 변이체 CD80로부터의 IgSF 도메인이며, 여기서 제1 및 제2 변이체 CD80은 동일 또는 상이한 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0556] 102. 구체에 98-101 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28, PD-L1, 또는 CTLA-4에 특이적으로 결합할 수 있고, 제2 폴리펩타이드의 IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 동족 결합 파트너에 결합할 수 있는 것인 면역조절 단백질.
- [0557] 103. 구체에 98-102 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28 또는 PD-L1에 특이적으로 결합할 수 있고, IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 동족 결합 파트너에 결합할 수 있는 것인 면역조절 단백질.
- [0558] 104. 구체에 98-103 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CD28 또는 CTLA-4에 특이적으로 결합할 수 있고, IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 동족 결합 파트너에 결합할 수 있는 것인 면역조절 단백질.
- [0559] 105. 구체에 98-103 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 CTLA-4 또는 PD-L1에 특이적으로 결합할 수 있고, IgSF 도메인은 변이체 CD80 폴리펩타이드에 의해 특이적으로 결합된 것 이외의 동족 결합 파트너에 결합할 수 있는 것인 면역조절 단백질.
- [0560] 106. 구체에 98-105 중 어느 하나의 구체에 있어서, IgSF 도메인은 B7 패밀리의 멤버로부터 유래한 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0561] 107. 구체에 82-90 중 어느 하나의 구체에 있어서, IgSF 도메인은 종양에서 발현된 리간드에 결합하는 종양-위치화 모이어틴인 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0562] 108. 구체에 107에 있어서, 리간드는 B7H6인 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0563] 109. 구체에 107 또는 구체에 108에 있어서, IgSF 도메인은 NKp30으로부터 유래한 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0564] 110. 구체에 98-109 중 어느 하나의 구체에 있어서, IgSF 도메인은 친화성 변형된 것이고 비변형 또는 야생형 IgSF 도메인에 비해 하나 이상의 그의 동족 결합 파트너(들)에 대해 증가된 결합을 나타내는 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0565] 111. 구체에 98-110 중 어느 하나의 구체에 있어서, IgSF 도메인은 IgV 도메인이거나 또는 IgV 도메인을 포함하는 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0566] 112. 구체에 98-111 중 어느 하나의 구체에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 IgV 도메인이거나 또는 IgV 도메인을 포함하는 것인 면역조절 폴리펩타이드.
- [0567] 113. 구체에 98-112 중 어느 하나의 구체에 있어서, 면역조절 단백질은 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 IgSF 도메인을 포함하는 제2 폴리펩타이드 중 일방 또는 양방에 연결된 멀티머화 도메인을 포함하는 것인 면역조절 단백질.
- [0568] 114. 구체에 113에 있어서, 멀티머화 도메인은 이펙터 기능이 감소된 Fc 도메인 또는 그의 변이체인 것인 면역조절 단백질.
- [0569] 115. 구체에 98-114 중 어느 하나의 구체에 있어서, 다이머인 것인 면역조절 단백질.
- [0570] 116. 구체에 115에 있어서 호모다이머인 것인 면역조절 단백질.
- [0571] 117. 구체에 115에 있어서 헤테로다이머인 것인 면역조절 단백질.
- [0572] 118. 어떤 모이어틴에 연결된, 구체에 1-98 중 어느 하나의 구체에 기재된 변이체 CD80, 또는 구체에 99-117 중 어느 하나의 구체에 기재된 면역조절 폴리펩타이드를 포함하는 컨주게이트.
- [0573] 119. 구체에 118에 있어서, 모이어틴은 세포 표면 상의 분자에 특이적으로 결합하는 표적화 모이어틴인 것인 컨주게이트.

- [0574] 120. 구체예 119에 있어서, 표적화 모이어티는 면역 세포 표면 상의 분자에 특이적으로 결합하는 것인 컨쥬게이트.
- [0575] 121. 구체예 120에 있어서, 면역 세포는 항원 제시 세포 또는 림프구인 것인 컨쥬게이트.
- [0576] 122. 구체예 119에 있어서, 표적화 모이어티는 종양 표면 상의 분자에 결합하는 종양-위치화 모이어티인 것인 컨쥬게이트.
- [0577] 123. 구체예 118-122 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 모이어티는 단백질, 펩타이드, 핵산, 소분자 또는 나노입자인 것인 컨쥬게이트.
- [0578] 124. 구체예 118-123 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 모이어티는 항체 또는 항원-결합 단편인 것인 컨쥬게이트.
- [0579] 125. 구체예 118-124 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 컨쥬게이트는 2가, 4가, 6가 또는 8가인 것인 컨쥬게이트.
- [0580] 126. 구체예 1-98 중 어느 하나의 구체예에 기재된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 구체예 99-117 중 어느 하나의 구체예에 기재된 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 분자(들).
- [0581] 127. 구체예 126에 있어서, 합성 핵산인 것인 핵산 분자.
- [0582] 128. 구체예 126 또는 구체예 127에 있어서, cDNA인 것인 핵산 분자.
- [0583] 129. 구체예 125-128 중 어느 하나의 구체예에 기재된 핵산 분자를 포함하는 벡터.
- [0584] 130. 구체예 129에 있어서, 발현 벡터인 것인 벡터.
- [0585] 131. 구체예 129 또는 구체예 130에 있어서, 벡터는 포유동물 벡터 또는 바이러스 벡터인 것인 벡터.
- [0586] 132. 구체예 129-131 중 어느 하나의 구체예에 기재된 벡터를 포함하는 세포.
- [0587] 133. 구체예 132에 있어서, 포유동물 세포인 것인 세포.
- [0588] 134. 구체예 133에 있어서, 인간 세포인 것인 세포.
- [0589] 135. 구체예 125-128 중 어느 하나의 구체예에 기재된 핵산 분자 또는 구체예 129-131 중 어느 하나의 구체예에 기재된 벡터를, 세포에서 단백질이 발현되는 조건 하에 숙주 세포 내로 도입하는 것을 포함하는, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질의 제조방법.
- [0590] 136. 구체예 135에 있어서, 세포로부터 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 분리 또는 정제하는 것을 더 포함하는 방법.
- [0591] 137. 구체예 1-98 중 어느 하나의 구체예에 기재된 변이체 CD80 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 분자를 상기 폴리펩타이드가 세포 내에서 발현되는 조건 하에 숙주 세포 내로 도입하는 것을 포함하는, 변이체 CD80 폴리펩타이드를 발현하는 세포의 조작 방법.
- [0592] 138. 구체예 1-98 중 어느 하나의 구체예에 기재된 변이체 CD80 폴리펩타이드, 구체예 99-117 중 어느 하나의 구체예에 기재된 면역조절 단백질, 구체예 125-128 중 어느 하나의 구체예에 기재된 핵산 분자 또는 구체예 129-131 중 어느 하나의 구체예에 기재된 벡터를 발현하는 조작된 세포.
- [0593] 139. 구체예 138에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 시그널 펩타이드를 포함하는 것인 조작된 세포.
- [0594] 140. 구체예 138 또는 구체예 139에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 막관통 도메인을 포함하지 않고 및/또는 세포 표면 상에서 발현되지 않는 것인 조작된 세포.
- [0595] 141. 구체예 138-140 중 어느 하나의 구체예에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드가 조작된 세포로부터 분리되는 것인 조작된 세포.
- [0596] 142. 구체예 138 또는 구체예 139에 있어서, 조작된 세포는 구체예 91-97 중 어느 하나의 구체예에 기재된 막관통 면역조절 단백질이거나 및/또는 막관통 도메인을 포함하는 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 것인 조작된 세포.

- [0597] 143. 구체에 138, 구체에 139 또는 구체에 142에 있어서, 변이체 CD80 폴리펩타이드는 세포 표면 상에서 발현되는 것인 조작된 세포.
- [0598] 144. 구체에 138-143 중 어느 하나의 구체에 있어서, 세포는 면역 세포인 것인 조작된 세포.
- [0599] 145. 구체에 144에 있어서, 면역 세포는 항원 제시 세포 (APC) 또는 림프구인 것인 조작된 세포.
- [0600] 146. 구체에 138-145 중 어느 하나의 구체에 있어서 일차 세포인 것인 조작된 세포.
- [0601] 147. 구체에 138-146 중 어느 하나의 구체에 있어서, 세포는 포유동물 세포인 것인 조작된 세포.
- [0602] 148. 구체에 138-147 중 어느 하나의 구체에 있어서, 세포는 인간 세포인 것인 조작된 세포.
- [0603] 149. 구체에 145-148 중 어느 하나의 구체에 있어서, 림프구는 T 세포인 것인 조작된 세포.
- [0604] 150. 구체에 145-149 중 어느 하나의 구체에 있어서, APC는 인공 APC인 것인 조작된 세포.
- [0605] 151. 구체에 138-150 중 어느 하나의 구체에 있어서, 키메라 항원 수용체 (CAR) 또는 조작된 T-세포 수용체를 더 포함하는 것인 조작된 세포.
- [0606] 152. 구체에 1-97 중 어느 하나의 구체에 기재된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 구체에 98-117 중 어느 하나의 구체에 기재된 면역조절 폴리펩타이드를 인코딩하는 핵산 분자를 포함하는, 감염 물질.
- [0607] 153. 구체에 152에 있어서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 막관통 도메인을 포함하지 않고 및/또는 그것이 내부에서 발현되는 세포의 표면에서 발현되지 않는 것인 감염 물질.
- [0608] 154. 구체에 152 또는 구체에 153에 있어서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 폴리펩타이드는 그것이 발현되는 세포로부터 분비되는 것인 감염 물질.
- [0609] 155. 구체에 152에 있어서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드는 막관통 도메인을 포함하는 것인 감염 물질.
- [0610] 156. 구체에 152 또는 구체에 155에 있어서, 인코딩된 변이체 CD80 폴리펩타이드는 그것이 발현되는 세포의 표면에서 발현되는 것인 감염 물질.
- [0611] 157. 구체에 152-156 중 어느 하나의 구체에 있어서, 감염 물질은 세균 또는 바이러스인 것인 감염 물질.
- [0612] 158. 구체에 157에 있어서, 바이러스는 항암 바이러스인 것인 감염 물질.
- [0613] 159. 구체에 158에 있어서, 항암 바이러스는 아데노바이러스, 아데노-관련 바이러스, 헤르페스 바이러스, 대상포진 바이러스, 수포성 구내염 바이러스, 레오바이러스, 뉴캐슬병 바이러스, 파코바이러스, 홍역 바이러스, 수포성 구내염 바이러스 (VSV), 콕사키 바이러스 또는 백시니아 바이러스인 것인 감염 물질.
- [0614] 160. 구체에 159에 있어서, 바이러스는 수지상 세포 (DCs)를 특이적으로 표적화하거나 및/또는 수지상 세포-지향성(tropic)인 것인 감염 물질.
- [0615] 161. 구체에 160에 있어서, 바이러스는 변형된 신트비스 바이러스 엔벨로프 산물로 슈도타이프된 렌티바이러스 벡터인 것인 감염 물질.
- [0616] 162. 구체에 152-161 중 어느 하나의 구체에 있어서, 표적 세포의 사멸을 야기하거나 또는 면역 반응을 개시 또는 부스트할 수 있는 유전자 산물을 더 인코딩하는 핵산 분자를 더 포함하는 것인 감염 물질.
- [0617] 163. 구체에 162에 있어서, 상기 추가의 유전자 산물은 항암제, 항대사제, 항혈관형성제, 면역조절 분자, 면역체크포인트 억제제, 항체, 사이토카인, 성장 인자, 항원, 세포독성 유전자 산물, 프로-아포토시스 유전표토시스 유전자 산물, 항-아포토시스 유전자 산물, 세포 매트릭스 분해 유전자, 조직 재생을 위한 유전자 또는 인간의 체세포를 다분화능으로 재프로그래밍하는 유전자로부터 선택되는 것인 감염 물질.
- [0618] 164. 구체에 1-97 중 어느 하나의 구체에 기재된 변이체 CD80 폴리펩타이드, 구체에 98-117 중 어느 하나의 구체에 기재된 면역조절 단백질, 구체에 118-125 중 어느 하나의 구체에 기재된 켄주게이트, 구체에 138-151 중 어느 하나의 구체에 기재된 조작된 세포 또는 구체에 152-163 중 어느 하나의 구체에 기재된 감염 물질을 포함하는 의약 조성물.
- [0619] 165. 구체에 164에 있어서, 약학적으로 허용가능한 부형제를 포함하는 의약 조성물.
- [0620] 166. 구체에 164 또는 165에 있어서, 의약 조성물은 멸균된 것인 의약 조성물.

- [0621] 167. 구체에 164-166 중 어느 하나의 구체에 기재된 의약 조성물을 바이알 내에 포함하는 제조 물품.
- [0622] 168. 구체에 167에 있어서, 바이알은 밀봉된 것인 제조 물품.
- [0623] 169. 구체에 164-166 중 어느 하나의 구체에 기재된 의약 조성물, 및 사용 지침을 포함하는 키트.
- [0624] 170. 구체에 167 및 168 중 어느 하나의 구체에 기재된 제조 물품, 및 사용 지침을 포함하는 키트.
- [0625] 171. 구체에 164-166 중 어느 하나의 구체에 기재된 의약 조성물을 대상자에게 투여하는 것을 포함하는, 대상자에 있어서 면역 반응을 조절하는 방법.
- [0626] 172. 구체에 138-151 중 어느 하나의 구체에 기재된 조작된 세포를 투여하는 것을 포함하는, 대상자에 있어서 면역 반응을 조절하는 방법.
- [0627] 173. 구체에 172에 있어서, 조작된 세포는 대상자에 대해 자가인 것인 방법.
- [0628] 174. 구체에 172에 있어서, 조작된 세포는 대상자에 대해 동종이계인 것인 방법.
- [0629] 175. 구체에 171-174 중 어느 하나의 구체에 있어서, 면역 반응의 조절은 대상자에 있어서 질병 또는 병태를 치료하는 것인 방법.
- [0630] 176. 구체에 171-175 중 어느 하나의 구체에 있어서, 면역 반응이 증가되는 것인 방법.
- [0632] 177. 구체에 171, 175 및 176 중 어느 하나의 구체에 있어서, 종양-위치화 모이어티에 연결된 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 면역조절 단백질 또는 컨쥬게이트가 대상자에게 투여되는 것인 방법.
- [0633] 178. 구체에 177에 있어서, 종양-위치화 모이어티는 종양 항원일 인식하는 결합 분자이거나 상기 결합 분자를 포함하는 것인 방법.
- [0634] 179. 구체에 178에 있어서, 결합 분자는 항체 또는 그의 항원-결합 단편을 포함하거나 또는 야생형 IgSF 도메인 또는 그의 변이체를 포함하는 것인 방법.
- [0635] 180. 구체에 171 및 175-179 중 어느 하나의 구체에 있어서, 구체에 107-117 중 어느 하나의 구체에 기재된 면역조절 단백질 또는 구체에 118-125 중 어느 하나의 구체에 기재된 컨쥬게이트를 포함하는 의약 조성물을 대상자에게 투여하는 방법.
- [0636] 181. 구체에 172-176 중 어느 하나의 구체에 있어서, 막관통 면역조절 단백질인 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 조작된 세포를 대상자에게 투여하거나 및/또는 구체에 138, 139 및 142-151 중 어느 하나의 구체에 기재된 조작된 세포를 대상자에게 투여하는 것인 방법.
- [0637] 182. 구체에 171, 175 및 176 중 어느 하나의 구체에 있어서, 막관통 면역조절 단백질인 변이체 CD80 폴리펩타이드를 인코딩하는 감염 물질을, 선택적으로, 상기 감염 물질이 종양 세포 또는 면역 세포를 감염시키고, 감염된 세포 표면 상에서 상기 막관통 면역조절 단백질이 발현되는 조건 하에, 대상자에게 투여하는 것인 방법.
- [0638] 183. 구체에 181 또는 구체에 182에 있어서, 막관통 면역조절 단백질은 구체에 91-97 중 어느 하나의 구체에 기재된 것인 방법..
- [0639] 184. 구체에 171-183 중 어느 하나의 구체에 있어서, 질병 또는 병태는 종양 또는 암인 것인 방법.
- [0640] 185. 구체에 171-184 중 어느 하나의 구체에 있어서, 질병 또는 병태는 흑색종, 폐암, 방광암, 혈액학적 악성 종양, 간암, 뇌암, 신장암, 유방암, 췌장암, 대장암, 비장암, 전립선암, 고환암, 난소암, 자궁암, 위암, 근골격계암, 두경부암, 위장관암, 생식세포 암, 또는 내분비 및 신경 내분비 세포 암으로부터 선택되는 것인 방법.
- [0641] 186. 구체에 171-175 중 어느 하나의 구체에 있어서, 면역 반응이 감소되는 것인 방법.
- [0642] 187. 구체에 171, 175 및 186 중 어느 하나의 구체에 있어서, 가용성인 변이체 CD80 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질을 대상자에게 투여하는 방법.
- [0643] 188. 구체에 187에 있어서, 가용성 폴리펩타이드 또는 면역조절 단백질은 Fc 융합 단백질인 방법.
- [0644] 189. 구체에 171, 175 및 186-188 중 어느 하나의 구체에 있어서, 구체에 1-90 및 95-97 중 어느 하나의 구체에 기재된 변이체 CD80 폴리펩타이드, 또는 구체에 98-106 및 111-117 중 어느 하나의 구체에 기재된 면역조절 단백질을 포함하는 의약 조성물을 대상자에게 투여하는 방법.

- [0645] 190. 구체에 172-175 및 186 중 어느 하나의 구체에 있어서, 분비가능한 변이체 CD80 폴리펩타이드를 포함하는 조작된 세포를 대상자에게 투여하는 방법.
- [0646] 191. 구체에 172-175 및 186-188 중 어느 하나의 구체에 있어서, 구체에 138-141 및 144-151 중 어느 하나의 구체에 기재된 조작된 세포를 대상자에게 투여하는 방법.
- [0647] 192. 구체에 171, 175 및 186-188 중 어느 하나의 구체에 있어서, 분비가능한 면역조절 단백질인 변이체 CD80 폴리펩타이드를 인코딩하는 감염 물질을, 선택적으로, 상기 감염 물질이 종양 세포 또는 면역 세포를 감염시키고 상기 분비가능한 면역조절 단백질이 상기 감염된 세포로부터 분비되는 조건 하에, 대상자에게 투여하는 방법.
- [0648] 193. 구체에 171-175 및 186-192 중 어느 하나의 구체에 있어서, 질병 또는 병태는 염증 또는 자가면역 질환 또는 병태인 것인 방법.
- [0649] 194. 구체에 171-175 및 186-193 중 어느 하나의 구체에 있어서, 질병 또는 병태는 항호중구 세포질 항체 (ANCA)-관련 혈관염, 혈관염, 자가면역 피부 질환, 이식, 류마티스성 질환, 염증성 위장관 질환, 염증성 안질환, 염증성 신경 질환, 염증성 폐질환, 염증성 내분비 질환, 또는 자가면역 혈액학적 질환인 것인 방법.
- [0650] 195. 구체에 193 또는 구체에 194에 있어서, 질병 또는 병태는 염증성 장질환, 골이식, 크론씨병, 궤양성 대장염, 다발성 경화증, 천식, 류마티스성 관절염 또는 건선으로부터 선택되는 것인 방법.
- [0651] IX. 실시예
- [0652] [404] 하기 실시예들은 오로지 설명 목적을 위해 포함된 것으로 본원발명의 범위가 이에 한정되는 것은 아니다.
- [0653] 실시예 1
- [0654] IgSF 도메인들의 돌연변이 DNA 구조물의 생성
- [0655] [405] 실시예 1은 효소 디스플레이 라이브러리로서 효모 표면에서의 번역 및 발현을 위한 인간 CD80 IgSF 도메인들의 돌연변이 DNA 구조물의 생성을 설명한 것이다.
- [0656] A. 축퇴 라이브러리
- [0657] [406] SEQ ID NO: 28에 제시된 세포외 도메인 (ECD)의 야생형 인간 CD80 아미노산 서열(UniProt 수탁번호 P33681에 제시된 잔기 35-242에 대응함)에 기초하여 다음과 같은 작제물을 만들었다:
- [0658] VIHVTKEVKEVATLSCGHNVSEELAQTIRIYWQKEKKMVLTMMSGDMNIWPEYKNRTIFDITNNLSIVILALRPSDEGTYESVVLKYEKDAFKREHLAEVTL SVKADFPTPSISDFEIPTSNIRRIICSTSGGFPEPHLSWLENGEELNAINTTVSQDPETELYAVSSKLDNFNMTNHSFMCLIKYGHRLRVNQTFNWNNTTKQEH FPDN
- [0659] [407] 축퇴 코돈의 완전한 또는 부분적 무작위화를 위해 특이적인 잔기를 표적화하는 라이브러리를 만들기 위해, SEQ ID NO: 28을 인코딩하는 DNA를 최대 80 염기쌍(bp) 길이의 중복 올리고뉴클레오타이드 세트로서 Integrated DNA Technologies (Coralville, IA)로부터 주문하였다. ECD의 다양한 변이체 라이브러리를 생성하기 위해, 이들 올리고뉴클레오타이드들은 원하는 아미노산 위치에서 원하는 축퇴 코돈을 함유하였다. URL: rosettadesign.med.unc.edu/SwiftLib/.에 제시된 알고리즘을 이용하여 축퇴 코돈들을 생성하였다.
- [0660] [408] 일반적으로, 코돈의 돌연변이 및 축퇴를 위한 위치들은 단백질 상호작용 인터페이스에 존재하는 잔기 뿐만 아니라 리간드 접촉 잔기들을 동정하기 위해 관심대상인 표적-리간드 쌍의 결정 구조로부터 선택하였다. 이 분석은 URL:spdbv.vital-it.ch)에서 구할 수 있는 구조 뷰어를 이용하여 수행하였다. 예를 들어, CTLA-4에 결합된 CD80의 결정 구조는 URL:www.rcsb.org/pdb/explore/explore.do?structureId=1I8L)로부터 공개적으로 입수가 가능하고 표적화 라이브러리는 CTLA4에 대한 개선된 바인더의 선택을 위해 CD80::CTLA4 인터페이스에 기초해서 디자인하였다. 그러나, 리간드 CD28 및 PDL1의 경우 입수가 가능한 CD80 구조물은 없기 때문에, CD28의 바인더 (CTLA4와 동일한 영역에서 CD80에 결합함) 및 PDL1에 대한 바인더(PDL1이 CTLA4와 동일 부위에 하는지는 알려져 있지 않음)를 선택하는데 있어 역시 동일한 바인더를 이용하였다.
- [0661] [409] 라이브러리 디자인의 다음 단계는 보존된 잔기들을 동정하기 위해 인간, 마우스, 래트 및 원숭이의 CD80 서열들을 정렬시키는 것이었다. 이 분석에 기초하여, 보존적 아미노산 변화 플러스 야생형 잔기만을 명시한 축퇴 코돈들을 이용하여 보존된 표적 잔기들을 돌연변이시켰다. 보존되지 않은 잔기들은 보다 공격적으로 돌연변이되었지만, 야생형 잔기들도 포함하였다. 표적 단백질의 과도한 돌연변이를 회피하기 위해 야생형 잔기들 역시

도 인코딩하는 축퇴 코돈들을 배치하였다. 동일한 이유로, 한 번에 최대 20개의 위치만을 돌연변이 표적으로 삼았다. 이들 잔기들은 접촉 잔기와 비-접촉 인터페이스 잔기들의 조합이었다.

[0662] [410] 올리고뉴클레오타이드들을 멸균수에 용해시키고, 동물 비율로 혼합하고, 95℃로 5분간 가열한 다음 어닐링을 위해 실온으로 서서히 냉각시켰다. 이어서, ECD의 개시 및 종결부에 각각 어닐링하는 ECD-특이적 올리고뉴클레오타이드 프라이머들을 이용하여 PCR 산물을 생성하였다. 이어서 BamHI 및 KpnI 클로닝 부위를 너머 및 포함하는 pBYDS03 클로닝 벡터 (Life Technologies USA)의 변형된 버전과 40-50 bp만큼 중복되는 ECD-특이적 올리고뉴클레오타이드들을 이용하여, 전 단계로부터의 PCR 산물 100 nm을 증폭시켜 총 5 μ g의 DNA를 생성하였다. 두 가지 폴리머라제 연쇄 반응(PCR) 모두 OneTaq 2x PCR 마스터 믹스 (New England Biolabs, USA)를 이용한 폴리머라제 연쇄 반응(PCR)에 의한 것이었다. 제2의 PCR로부터의 산물을 PCR 정제 키트(Qiagen, 독일)를 이용하여 정제하고 멸균 탈이온수에 재현탁시켰다.

[0663] [411] 라이브러리 삽입 준비를 위해, 벡터 pBYDS03의 변형된 효모 디스플레이 버전을 BamHI 및 KpnI 제한 효소 (New England Biolabs, USA)로 절단하고 큰 벡터 단편을 겔-정제한 다음 멸균, 탈이온수에 용해시켰다. 다음 단계를 위해 50 μ l 부피의 멸균된 탈이온수에서 12 μ g의 라이브러리 DNA와 4 μ g의 선형 벡터를 혼합함으로써 전기영동-준비된 DNA를 생성하였다. 표적화 라이브러리를 생성하기 위한 한 가지 방법은 표적 ECD를 올리고뉴클레오타이드 함유 축퇴 코돈들을 이용하여 부위-지향 돌연변이시키는 것이었다(Multisite kit, Agilent, USA). 이 접근법은 돌연변이를 위한 표적 단백질의 특이 스트레치만을 표적화하는 서브라이브러리를 생성하는데 이용되었다. 이 경우, 선택 단계로 진행하기 전에 서브라이브러리들을 혼합하였다. 일반적으로, 라이브러리 크기는 서브라이브러리가 10E4 내지 10E5의 범위 내인 경우를 제외하고, 10E7 내지 10E8 클론 범위였다. ICOSL에 대해 대형 라이브러리 및 서브라이브러리를 만들었다.

[0664] B. 무작위 라이브러리

[0665] [412] SEQ ID NO: 28에 제시된 CD80의 ECD의 변이체들을 동정하기 위해 무작위 라이브러리들도 작제하였다 (UniProt Accession No. P33681에 제시된 잔기 35-135에 대응하는, IgV 도메인을 함유함, 야생형 서열의 인접 C-말단 잔기에 의해 플랜킹됨). 야생형 ECD를 인코딩하는 DNA를 변형된 효모 디스플레이 벡터 pBYDS03의 BamHI 및 KpnI 부위 사이에 클로닝시킨 다음 동일한 제한 효소를 이용하여 방출시켰다. 이어서 방출된 DNA를 Genemorph II 키트 (Agilent, USA)를 이용하여 돌연변이시켜 라이브러리 변이체 1개 당 평균 3 내지 5개의 아미노산 변경을 생성하였다. 이어서 돌연변이된 DNA를 2단계 PCR에 의해 증폭시키고 표적화 라이브러리에 대해 전술한 바와 같이 추가 프로세싱하였다.

[0666] 실시예 2

[0667] DNA 라이브러리의 효모 내로의 도입

[0668] [413] 실시예 2는 CD80, CD86, ICOSL, 및 NKp30 DNA 라이브러리를 효모 내로 도입하는 것을 설명한다. 축퇴 및 무작위 라이브러리 DNA를 효모에 도입하기 위해, 효모 균주 BJ5464 (ATCC.org; ATCC 번호 208288)의 전기영동-컴피턴트 세포를 준비하고, 기본적으로 문헌에 설명된 바와 같이(Colby, D.W. et al. 2004 Methods Enzymology 388, 348-358) 상기 단계로부터의 전기영동-준비된 DNA를 이용하여 Gene Pulser II (Biorad, USA)에서 전기영동 처리하였다. 유일한 예외는 변형된 플라스미드 pBYDS03가 보유하는 LEU2 선택 마커를 수용하기 위해, 형질전환된 세포들을 비-유도성 최소선택 SCD-Leu 매지에서 성장시켰다는 점이다.

[0669] [414] 라이브러리 크기는 갓 회수된 세포들의 희석물을 SCD-Leu 한천 플레이트 상에 플레이팅한 다음 플레이트 당 적어도 50개의 콜로니를 생성하는 플레이팅으로부터의 단일 콜로니 갯수로부터 라이브러리 크기를 외삽함으로써 결정하였다. 전기영동 처리된 배양체의 나머지를 포화상태까지 성장시키고 이 배양체로부터의 세포들을 한번 더 동일 매지에서 계대배양하여 형질전환되지 않은 세포의 분획을 최소화시켰다. 라이브러리의 다양성을 유지하기 위해, 계산된 라이브러리 크기보다 적어도 10배 세포를 더 많이 함유하는 접종(inoculum)을 이용하여 이 계대배양 단계를 수행하였다. 2차 포화 배양체로부터의 세포들을 멸균 25% (중량/부피) 글리세롤을 함유하는 신선한 배지에 10E10/ml의 밀도가 되도록 재현탁하고 냉동 및 -80℃에서 보관하였다 (냉동 라이브러리 스톱).

[0670] [415] 1 리터의 SCD-Leu 배지는 14.7 그램의 소듐 시트레이트, 4.29 그램의 시트르산 모노히드레이트, 20 그램의 텍스트로즈, 6.7 그램의 Difco 브랜드 효모 질소 베이스, 및 효모가 없는 1.6 그램의 효모 합성 드롭-아웃 배지 보충물로 구성된다. 배지를 사용하기 전에 0.2 μ M 진공 필터 장치를 이용하여 멸균처리하였다.

[0671] [416] 라이브러리 크기는 갓 회수된 세포들의 희석물을 SCD-Leu 한천 플레이트 상에 플레이팅한 다음 플레이트 당 적어도 50개의 콜로니를 생성하는 플레이팅으로부터의 단일 콜로니 갯수로부터 라이브러리 크기를 외삽함으

로써 결정하였다.

- [0672] [417] 2개 이상의 상이한 라이브러리 클론을 함유하는 세포들로부터 플라스미드를 분리하기 위해, 라이브러리 크기의 10배에 해당하는 갯수의 세포들을 SCD-Leu 배양체로부터 밤새 취하여 신선한 SCD-Leu 배지로 1/100 계대 배양하고 밤새 성장시켰다. 이 밤샘 배양체로부터 얻은 세포들을 멸균 25% (중량/부피) 글리세롤에 10E10/ml의 밀도가 되도록 재현탁하고 냉동 및 -80℃에서 보관하였다 (냉동 라이브러리 스톱).
- [0673] **실시예 3**
- [0674] **효모 선택**
- [0675] [418] 실시예 3은 CD80의 친화성 변형된 변이체들을 발현하는 효모의 선택에 설명한 것이다. A 라이브러리 크기의 적어도 10배에 해당하는 갯수의 세포들을 개별 라이브러리 스톱으로부터 해동하여, 비-유도 SCD-Leu 배지에 0.1 x 10E6 세포/ml로 현탁하고 밤새 성장시켰다. 다음 날, 라이브러리 크기의 10배에 해당하는 갯수의 세포들을 2000 RPM에서 2분간 원심분리하고 유도 SCD-Leu 배지에 0.1 x 10E6 세포/ml로 재현탁하였다. SCDG-Leu 유도 배지 1 리터는 물에 5.4 그램 Na₂HPO₄, 8.56 그램의 NaH₂PO₄·H₂O, 20 그램의 갈락토스, 2.0 그램의 텍스트로스, 6.7 그램의 Difco 효모 질소 베이스, 및 류신이 없는 1.6 그램의 효소 합성 드롭 아웃 보충물이 용해되어 있는 것으로 구성되며 0.22 μm 막 필터 장치를 통해 멸균되었다. 배양체를 20℃에서 2일간 성장시켜 효모 세포 표면 상에 라이브러리 단백질의 발현을 유도하였다.
- [0676] [419] 비-바인더를 감소시키고 그의 외인성 재조합 카운터-구조 단백질 결합능을 갖는 모든 CD80 폴리펩타이드들을 농축하기 위해 세포들을 자석 비드로 프로세싱하였다. 예를 들어, 효모 디스플레이 표적화되거나 또는 무작위 CD80 라이브러리들을 CD28, CTLA-4, 및 PD-L1 각각에 대해 별도로 선택하였다. 이어서 개선된 바인더 기능을 나타내는 효모 세포의 분획을 농축하기 위해 외인성 카운터-구조 단백질 염색을 이용하여 2 내지 3 라운드의 유세포분석 소팅을 실시하였다. 자석 비드 농축 및 유세포 분석에 의한 선택은 기본적으로 문헌 [Keith D. Miller, 1 Noah B. Pefaur, 2 및 Cheryl L. Baird 1 Current Protocols in Cytometry 4.7.1-4.7.30, July 2008]에 설명되어 있다.
- [0677] [420] CD80 라이브러리를 이용하여 표적 리간드 단백질들을 다음과 같이 R&D Systems (USA)로부터 공급하였다: 인간 rCD28.Fc (즉, 재조합 CD28-Fc 융합 단백질), rPDL1.Fc 및 rCTLA4.Fc. 자성 스트렙타비딘 비드를 New England Biolabs, USA로부터 구득하였다. 카운터-구조 단백질의 바이오티닐화를 위해, 바이오티닐화 키트 cat# 21955, Life Technologies, USA를 이용하였다. 2-색 유세포분석 소팅을 위해, Becton Dickinson FACS Aria II 소터를 이용하였다. CD80 디스플레이 수준을 Alexafluor 488 (Life Technologies, USA)이 표지된 항-헤마글루티닌 (항-HA) 항체를 이용하여 모니터링하였다. 리간드 결합 Fc 융합 단백질 rCD28.Fc 및 rCTLA4.Fc를 PE 컨쥬게이트된 인간 Ig 특이 염소 Fab (Jackson ImmunoResearch, USA)를 이용하여 검출하였다. 정면 스캐터 (FSC) / 측면 스캐터 (SSC) 파라미터를 이용하여 이중 효모를 배제하고(gated out), 소트 게이트들은 FL1에서 보다 제한된 태그 발현 결합을 지니는 FL4에서 검출된 더 높은 리간드 결합에 기초하였다.
- [0678] [421] 유세포 분석 소트로부터의 효모 아웃풋을 보다 높은 특이적 결합 친화성에 대해 분석하였다. 소트 효모 아웃풋을 증식 및 재-유도시켜 이들이 인코딩하는 특징 IgSF 친화성 변형된 도메인 변이체들을 발현시켰다. 이어서 이 집단을 모균주, 야생형 효모 균주 또는 비드 아웃풋 효모 집단과 같은 다른 선택된 아웃풋과, 유세포 분석법에 의해 비교할 수 있다.
- [0679] [422] FL1 상에서 항-HA 태그 항체를 이용하여 측정시 상기 설명된 모든 F2 아웃풋의 MFI 값이 증가하지 않았고 종종 야생형 균주에 비해 감소하였다는 것은 중요한데, 이는 증가된 결합이 효모 표면 상의 선택된 변이체들의 증가된 발현의 함수가 아니라는 것과 높은 리간드 결합을 갖는 중간 내지 낮은 발현체들만을 선택하는 게이팅 전략이 타당함을 입증하는 것이다.
- [0680] [423] 선택된 변이체 CD80 ECD 도메인들을 융합 단백질로서 더 포맷시키고 후술하는 바와 같이 결합 및 기능 활성에 대해 시험하였다.
- [0681] **실시예 4**
- [0682] **Fc-융합체 및 다양한 면역조절 단백질 유형으로 선택 아웃풋 재구성**
- [0683] [424] 실시예 4는 선택 아웃풋을, CD80의 Fc 분자에 융합된, 친화성 변형된 (변이체) 세포외 도메인 (ECD)(변이체 ECD-Fc 융합 분자들)을 함유하는 면역조절 단백질로서 재포맷하는 것을 설명한다.

- [0684] [425] 최종 유세포 분석 CD80 소트로부터의 아웃풋 세포들을 SCD-Leu 배지에서 최종 밀도로 성장시켰다. 각 아웃풋으로부터의 플라스미드 DNA를 효소 플라스미드 DNA 분리 키트 (Zymoresearch, USA)를 이용하여 분리하였다. Fc 융합을 위해, 선택된 Fc 융합 벡터 내로의 클로닝에 적합한 제한효소 부위가 부가된 PCR 프라이머들을 이용하여, 돌연변이 표적 ECD를 위한 코딩 DNA를 플라스미드 DNA 프랩으로부터 회분식-증폭시켰다. 제한효소 절단 후, PCR 산물을 적절한 Fc 융합 벡터 내로 접합시킨 다음 공급자 지침에 따라 균주 XL1 Blue E. Coli (Agilent, USA) 또는 NEB5알파 (New England Biolabs) 내로 화학적 형질전환시켰다. 예시적인 Fc 융합 벡터는 pFUSE-hIgG1-Fc2 (Invivogen, USA)이다.
- [0685] [426] 형질전환 반응 희석물을 100 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 카르베니실린 (Teknova, USA)을 함유하는 LB-한천 상에 플레이팅하여 단일 콜로니를 생성하였다. 이어서 각 형질전환으로부터 최대 96 콜로니를 96 웰 플레이트 중 LB-브로쓰 (Teknova cat # L8112) 에서 37 $^{\circ}\text{C}$ 로 밤새 포화되도록 배양하고 모든 클론 내의 돌연변이(들)을 동정하기 위해 각 웰로부터 소량의 분주액을 취해 ECD 삽입물의 DNA 시퀀싱하였다. DNA 시퀀싱을 위한 샘플 준비는 서비스 제공자(Genewiz; South Plainfield, NJ)가 제공한 프로토콜을 이용하여 수행하였다. DNA 시퀀싱을 위해 샘플을 수거한 후 최종 글리세롤 함량이 25%가 되도록 나머지 배양액에 글리세롤을 첨가하고 마스터 플레이트로서 나중에 사용하기 위해 -20 $^{\circ}\text{C}$ 에서 플레이트를 보관하였다 (후술 내용 참조). 별법으로, 일회용 96 웰 레플리케이터(VWR, USA)를 이용하여 배양된 액체 배양액으로부터 고정 한천 플레이트로 복제함으로써 DNA 시퀀싱을 위한 샘플을 생산하였다. 이들 플레이트들을 밤새 인큐베이션하여 성장 패치를 만들고 Genewiz에 의해 명시된 바와 같이 Genewiz에 플레이트들을 제출하였다. 일부 사례에서, 재시퀀싱을 수행하여 돌연변이를 검정하였다.
- [0686] [427] Genewiz-생성된 DNA 시퀀싱 데이터를 분석하여 목적하는 클론을 동정한 후, 목적하는 클론들을 마스터 플레이트로부터 회수하고 100 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 카르베니실린 (Teknova, USA)를 함유하는 5 ml의 액체 LB-브로쓰에서 소정 밀도로 개별적으로 성장시킨 다음 이어서 각 배양액 2 ml씩을, Pureyield 키트 (Promega)와 같은 표준 키트를 이용하여 대략 10 μg 의 각 클론의 미니프랩 플라스미드 DNA를 제조하는데 사용하였다. 목적하는 클론은 일반적으로 다음 단계에 따라 동정하였다. 먼저, DNA 서열 데이터 파일을 Genewiz 웹사이트로부터 다운로드하였다. 이어서 모든 서열들을 ECD 코딩 영역 시작 부위에서 개시되도록 수동으로 조작하였다. 이어서 조작된 서열들을 URL: www.ebi.ac.uk/Tools/st/emboss_transeq/로부터 입수가 가능한 적절한 프로그램을 이용하여 배치-번역하였다. 이어서 번역된 서열들을 URL: multalin.toulouse.inra.fr/multalin/multalin.html에서 입수가 가능한 적절한 프로그램을 이용하여 정렬시켰다.
- [0687] [428] 이어서 목적하는 클론들을 다음 기준에 따라 동정하였다: 1.) 동일한 클론은 정렬 중 적어도 2회 나타나고 및 2.) 돌연변이는 정렬 중 적어도 2회 나타나며 좋기로는 서로 다른 클론들에서 나타난다. 이들 기준 중 적어도 하나를 만족하는 클론들은 개선된 결합으로 인해, 소탕 프로세스에 의해 농축된 클론들이었다.
- [0688] [429] 적어도 하나의 친화성-변형된 도메인을 갖는 CD80의 ECD를 함유하는 Fc 융합 단백질인 면역조절 단백질을 생성하기 위해, 인코딩 핵산 분자를 생성하여 다음과 같이 디자인된 단백질을 인코딩하였다: 변이체(돌연변이) ECD 다음에 3개 알라닌(AAA) 링커 다음에 SEQ ID NO: 226에 제시된 야생형 인간 IgG1 Fc에 대해 돌연변이 R77C, N82G 및 V87C를 함유하는 인간 IgG1 Fc. 상기 구조물은 시스테인과 공유 결합을 형성할 수 있는 항체 경쇄를 일절 포함하지 않으므로, 인간 IgG1 Fc는 SEQ ID NO: 226에 제시된 야생형 또는 변형되지 않은 Fc에 비해 5 위치의 시스테인 잔기가 세린 잔기로 치환된 (C5S) 것이다.
- [0689] **실시예 5**
- [0690] **Fc-융합체의 발현 및 정제**
- [0691] [430] 실시예 5는 변이체 ECD CD80을 함유하는 Fc-융합 단백질들의 대량 발현 및 정제 처리를 설명한다.
- [0692] [431] 재조합 변이체 Fc 융합 단백질들을 Expi293 발현 시스템 (Invitrogen, USA)을 이용하여 만들었다. 이전 단계로부터 얻은 4 μg 의 각 플라스미드 DNA를 200 μl Opti-MEM (Invitrogen, USA)에 첨가하고 이와 동시에 10.8 μl ExpiFectamine을 또 다른 200 μl Opti-MEM에 첨가하였다. 5분 후, 200 μl 의 플라스미드 DNA를 200 μl 의 ExpiFectamine과 혼합하고 이 혼합물을 세포에 첨가하기 전에 추가로 20분간 더 인큐베이션하였다. 천만개의 Expi293 세포들을 3.4ml 부피의 Expi293 배지 (Invitrogen, USA) 내, 멸균된 10 ml, 원뿔형 바닥을 갖는 깊은 24웰 배양 플레이트 (Thomson Instrument Company, USA)의 각각의 별도 웰에 분주하였다. 95% 습도 및 8% CO₂로 설정된 포유동물 세포 배양 인큐베이터에서 플레이트들을 5일간 120 RPM으로 진탕시켰다. 5일의 인큐베이션 후, 세포들을 펠릿화하고 배양 상등액을 제거하였다.
- [0693] [432] 제조업체 프로토콜(카탈로그 넘버 45202, Life Technologies, USA)을 이용하여 고처리량 96 웰 단백질 A

정제 키트를 이용함으로써 단백질을 정제하였다. 제조업체 프로토콜을 이용하여 96 웰 스핀 탈염 플레이트 (카탈로그 넘버 89807, Life Technologies, USA)를 이용하여 결과적인 용리 분획들의 완충액을 PBS로 교체하였다. 정제된 단백질을 Nanodrop 장치 (Thermo Fisher Scientific, USA)에 의해 측정되는 280 nm 흡광도를 이용하여 정량하고, 변성 및 환원 조건 하에 NUPAGE 프리-캐스트, 폴리아크릴아미드 겔 (Life Technologies, USA) 상에 5 μ g의 단백질을 로딩한 다음 겔 전기영동함으로써 단백질의 순도를 평가하였다. 표준 쿠마씨 염색을 이용하여 겔에서 단백질을 가시화하였다.

[0694] 실시예 6

[0695] 친화성-성숙된(Affinity-Matured) IgSF 도메인-함유 분자들의 결합 및 활성 평가

[0696] A. 세포-발현된 카운터 구조에 대한 결합

[433] 이 실시예는 동족 결합 파트너들에 대한 CD80 도메인 변이체 면역조절 단백질들의 특이성 및 친화성을 보여주기 위한 Fc-융합 결합 연구를 설명한다.

[434] 동족 결합 파트너들을 발현하는 세포를 생산하기 위해, 인간 CD28, CTLA4, 및 PD-L1 각각에 대한 전장 포유동물 표면 발현 구조물을 pcDNA3.1 발현 벡터 (Life Technologies)에서 디자인하여 Genscript, USA로부터 공급받았다. Expi293F 단기 형질감염 시스템(Life Technologies, USA)을 이용하여 결합 연구를 수행하였다. 실험에 필요한 세포수를 결정하고 제조업체의 권장 프로토콜을 이용하여 약 30 ml 규모의 형질감염을 수행하였다. 각각의 CD28, CTLA-4, PD-L1, 또는 모형(mock) 30 ml 형질감염을 위해, 7천5백만개의 Expi293F 세포들을 30 μ g 발현 구조물 DNA 및 1.5ml의 희석된 ExpiFectamine 293 시약과 함께 48 시간 동안 인큐베이션하고, 이 동안 염색을 위해 세포들을 수확하였다.

[435] 유세포 측정에 의한 염색을 위해, 적절한 단기 형질감염 또는 음성 대조군의 200,000개 세포들을 96 웰 둥근바닥 플레이트에 플레이팅하였다. 세포들을 스핀 다운시키고 염색 완충액 (PBS (인산염 완충염수), 1% BSA (소혈청 알부민), 및 0.1% 소듐 아자이드)에 20분간 재현탁시켜 비-특이적인 결합을 차단하였다. 그 후, 세포들을 다시 원심분리하고, 각 후보 변이체 CD80 Fc 단백질의 실험에 따라, 50 μ l 중 100nM 내지 1nM 변이체 면역조절 단백질을 함유하는 염색 완충액에 재현탁하였다. 얼음에서 일차 염색을 45분간 수행하고, 그에 앞서, 염색 완충액에 세포들을 2회 세척하였다. PE-컨쥬게이트된 항-인간 Fc (Jackson ImmunoResearch, USA)를 50 μ l 염색 완충액에 1:150으로 희석하고 세포에 첨가한 다음 다시 30분간 얼음 위에서 인큐베이션하였다. 2차 항체를 2회 세척하고 세포들을 4% 포름알데히드/PBS에 고정시킨 다음 샘플을 FACScan 유세포분석기 (Becton Dickinson, USA) 상에서 분석하였다.

[436] 평균 형광 강도(MFI)를 각 형질감염체 및 음성 모 세포주에 대해 Cell Quest Pro 소프트웨어 (Becton Dickinson, USA)를 이용하여 계산하였다.

[0701] B. 생체 활성 특징화

[437] 이 실시예는 인간 일차 T 세포 시험관내 분석을 이용한 Fc-융합 변이체 단백질 생체 활성 특징화에 관하여 설명한다.

[0703] 1. 림프구 혼합 배양반응 (Mixed Lymphocyte Reaction: MLR)

[438] 가용성 rCD80.Fc 생체 활성을 인간 림프구 혼합 배양반응 (MLR)을 이용하여 검사하였다. PBMC (BenTech Bio, USA)로부터 분리된 단핵세포들을, 생체외에서 15 배지(Lonza, Switzerland) 중 500U/ml rIL-4 (R&D Systems, USA) 및 250U/ml rGM-CSF (R&D Systems, USA)와 함께 시험관내에서 7일간 배양함으로써 인간 일차 수지상 세포(DC)를 생성하였다. 10,000개의 성숙한 DC 및 100,000개의 정제된 동종이형(allogeneic) CD4+ T 세포들 (BenTech Bio, USA)을, 200 μ l 최종 부피의 Ex-Vivo 15 배지 중 96 웰 둥근바닥 플레이트에서 변이체 CD80 Fc 융합 단백질 및 대조군과 함께 공동-배양시켰다. 제 5일에, 배양 상등액 중 IFN-감마 분비를 Human IFN-감마 Duoset ELISA 키트 (R&D Systems, USA)를 이용하여 분석하였다. 광학 밀도를 VMax ELISA Microplate Reader (Molecular Devices, USA)로 측정하고 IFN-감마 Duo-세트 키트 (R&D Systems, USA)에 포함된, 적정된 rIFN-감마 스탠다드에 대해 정량하였다.

[0705] 2. 항-CD3 공동고정화 분석

[439] CD80 융합 변이체들의 공동자극 생체 활성을 항-CD3 공동고정화(coimmobilization) 분석으로 탐지하였다. 1nM 또는 4nM 마우스 항-인간 CD3 (OKT3, Biolegends, USA)을 1nM 내지 80nM rCD80.Fc 변이체 단백질들과 함께

PBS에 희석하였다. 이 혼합물을 조직 배양체로 처리된 평평한 바닥 96 웰 플레이트(Corning, USA)에 밤새 첨가하여 플레이트의 웰에 대한 자극성 단백질이 부착을 용이하게 하였다. 다음 날, 미결합 단백질을 플레이트로부터 씻어내고 100,000개의 정제된 인간 범(pan) T 세포들 (BenTech Bio, US) 또는 인간 T 세포클론 BC3 (Astarte Biologics, USA)을 최종 부피 200 μ l의 Ex-Vivo 15 배지 (Lonza, Switzerland) 내로 각 웰에 첨가하였다. 배양 상등액을 수확하기 전에 세포들을 3일간 배양하고 전술한 바와 같이 인간 IFN-감마 수준을 DuoSet ELISA 키트 (R&D Systems, USA)를 이용하여 측정하였다.

[0707] C. 결과

[0708] [440] 예시적으로 시험된 변이체들에 대한 결합 및 활성 연구 결과를 표 7-8에 나타내었다. 특히, 표 7은 해당 동족 구조물 CD28에 대한 친화성-성숙체의 스크리닝 과정에서 선택된 CD80의 ECD에서의 예시적인 IgSF 도메인 아미노산 치환(대체)을 나타낸다. 표 8은 해당 동족 구조물 PD-L1에 대한 친화성-성숙체의 스크리닝 과정에서 선택된 CD80의 ECD에서의 예시적인 IgSF 도메인 아미노산 치환(대체)을 나타낸다. 표에서, 예시적인 아미노산 치환들은 각 비변형 레퍼런스 ECD 서열에 대응하는 아미노산 위치 번호로 나타낸다. 예를 들어, 표 7 및 표 8에서 비변형 레퍼런스 ECD 서열은 SEQ ID NO:28에 제시된 비변형 CD80 ECD 서열이다. 아미노산 위치는 중앙에 표시하였고, 대응하는 비변형(예컨대 야생형) 아미노산은 숫자 앞에, 동정된 변이체 아미노산 치환은 숫자 다음에 나타내었다. 컬럼 2에는 각각의 변이체 ECD-Fc 융합 분자에 대한 변이체 ECD의 SEQ ID NO 동정자(identifier)를 기재하였다.

[0709] [441] 동족 카운터 구조 리간드를 발현하도록 유전자 조작된 세포들에 대한 각 변이체 Fc-융합 분자의 결합에 대한 평균 형광 강도(MFI) 값 및 아미노산 치환(들)을 함유하지 않는 대응하는 비변형 ECD-Fc 융합 분자의 동일한 세포-발현된 카운터 구조 리간드에 대한 결합과 비교한 MFI의 비율(ratio)에 의해 측정되는 바와 같은 결합 활성 역시도 나타내었다. T 세포의 활성을 조절하는 변이체 Fc-융합 분자들의 기능 활성 역시도 i) 항-CD3과 함께 공동 고정된 표시된 변이체 ECD-Fc 융합 분자와 함께 또는 ii) MLR 분석에서 표시된 변이체 ECD-Fc 융합 분자와 함께 생성된 배양 상등액 중 IFN-감마의 계산된 수준 (pg/ml)에 기초하여 나타내었다. 표 7 및 8은 또한 두 가지 모두의 기능 분석에 있어서 대응하는 비변형 ECD-Fc와 비교되는 각 변이체 ECD-Fc에 의해 생산된 IFN-감마의 비율도 나타낸다.

[0710] [442] 나타난 바와 같이, 선택 결과 적어도 하나, 그리고 몇몇 경우 두 개 이상의 동족 카운터 구조 리간드에 대해 증가된 결합을 나타내는 친화성-변형된 CD80 IgSF 도메인 변이체들이 몇 개 동정되었다. 이에 더해, 이 결과는 변이체 분자들의 친화성 변형이 분자의 포맷에 따라 면역학적 활성을 증가시키기도 하고 감소시키기도 하는 두 가지 개선된 활성을 모두 나타냈다는 것을 보여주었다. 예를 들어, 리간드의 공동 고정화는 세포와의 다 가 상호반응을 제공하여 아미노산 치환(들)을 함유하지 않는 비변형 (예컨대 야생형) ECD-Fc 분자에 비해 T 세포 활성의 증가 및 아고니스트 활성을 선호할 가능성이 높다. 그러나, 분자가 용액 중에 2가 Fc 분자로서 제공될 경우, 동일한 IgSF 도메인 변이체는 아미노산 치환(들)을 함유하지 않는 비변형 (예컨대 야생형) ECD-Fv 분자에 비해 T 세포 활성을 감소시키는 길항 활성을 나타내었다.

표 7: CD28 에 대해 선택된 변이체 CD80. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터

CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	Binding			항- CD3 과의 공동고정	MLR
		CD28 MFI (모 비율)	CTLA- 4 MFI (모 비율)	PD-L1 MFI (모 비율)	IFN-감마 pg/ml (모 비율)	IFN- 감마 수준 pg/ml (모 비율)
L70Q/A91G/N144D	414	125 (1.31)	283 (1.36)	6 (0.08)	93 (1.12)	716 (0.83)
L70Q/A91G/T130A	56	96 (1.01)	234 (1.13)	7 (0.10)	99 (1.19)	752 (0.87)
L70Q/A91G/I118A/ T120S/T130A/K169E	415	123 (1.29)	226 (1.09)	7 (0.10)	86 (1.03)	741 (0.86)
V4M/L70Q/A91G/I118V/ T120S/T130A/K169E	416	89 (0.94)	263 (1.26)	6 (0.09)	139 (1.67)	991 (1.14)
L70Q/A91G/ I118V/T120S/ T130A/K169E	417	106 (1.12)	263 (1.26)	6 (0.09)	104 (1.25)	741 (0.86)
V20L/L70Q/A91S/ I118V/ T120S/T130A	419	105 (1.11)	200 (0.96)	9 (0.13)	195 (2.34)	710 (0.82)
S44P/L70Q/A91G/ T130A	61	88 (0.92)	134 (0.64)	5 (0.07)	142 (1.71)	854 (0.99)
L70Q/A91G/E117G/ I118V/ T120S/T130A	420	120 (1.27)	193 (0.93)	6 (0.08)	98 (1.05)	736 (0.85)
A91G/T120S/ I118V/T130A	421	84 (0.89)	231 (1.11)	44 (0.62)	276 (3.33)	714 (0.82)
L70R/A91G/ I118V/T120S/ T130A/T199S	422	125 (1.32)	227 (1.09)	6 (0.09)	105 (1.26)	702 (0.81)
L70Q/E81A/A91G/I118V/T120S/I127T/ T130A	423	140 (1.48)	185 (0.89)	18 (0.25)	98 (1.18)	772 (0.89)
L70Q/Y87N/A91G/ T130A	66	108 (1.13)	181 (0.87)	6 (0.08)	136 (1.63)	769 (0.89)
T28S/L70Q/A91G/ E95K/I118V/T120S/I126V/T130A/K169E	424	32 (0.34)	65 (0.31)	6 (0.08)	120 (1.44)	834 (0.96)
N63S/L70Q/A91G/ S114T/I118V/T120S/T130A	425	124 (1.30)	165 (0.79)	6 (0.08)	116 (1.39)	705 (0.81)
K36E/I67T/L70Q/ A91G/ I118V/T120S/ T130A/N152T	426	8 (0.09)	21 (0.10)	5 (0.08)	53 (0.63)	852 (0.98)
E52G/L70Q/A91G/ D107N/I118V/ T120S/T130A/K169E	427	113 (1.19)	245 (1.18)	6 (0.08)	94 (1.13)	874 (1.01)

[0711]

표 7: CD28 에 대해 선택된 변이체 CD80. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터

CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	Binding			항- CD3 과의 공동고정	MLR
		CD28 MFI (모 비율)	CTLA- 4 MFI (모 비율)	PD-L1 MFI (모 비율)	IFN-감마 pg/ml (모 비율)	IFN- 감마 수준 pg/ml (모 비율)
K37E/F59S/L70Q/ A91G/T120S/ T130A	428	20 (0.21)	74 (0.36)	6 (0.08)	109 (1.31)	863 (1.00)
A91G/S103P	72	39 (0.41)	56 (0.27)	9 (0.13)	124 (1.49)	670 (0.77)
K89E/T130A	73	90 (0.95)	148 (0.71)	75 (1.07)	204 (2.45)	761 (0.88)
A91G	74	96 (1.01)	200 (0.96)	85 (1.21)	220 (2.65)	877 (1.01)
D60V/A91G/ I118V/T120S/ T130A/K169E	429	111 (1.17)	222 (1.07)	12 (0.18)	120 (1.44)	744 (0.86)
K54M/L70Q/ A91G/Y164H	430	68 (0.71)	131 (0.63)	5 (0.08)	152 (1.83)	685 (0.79)
M38T/L70Q/E77G/ A91G/ I118V/T120S/ T130A/N152T	431	61 (0.64)	102 (0.49)	5 (0.07)	119 (1.43)	796 (0.92)
R29H/E52G/L70R/ E88G/A91G/T130A	78	100 (1.05)	119 (0.57)	5 (0.08)	200 (2.41)	740 (0.85)
Y31H/T41G/ M43L/L70Q/ A91G/ I118V/T120S/I126V/T130A	432	85 (0.89)	85 (0.41)	6 (0.08)	288 (3.47)	782 (0.90)
V68A/T110A	80	103 (1.08)	233 (1.12)	48 (0.68)	163 (1.96)	861 (0.99)
L65H/D90G/T110A/ F116L	433	33 (0.35)	121 (0.58)	11 (0.15)	129 (1.55)	758 (0.88)
R29H/E52G/ D90N/I118V/T120S/ T130A	434	66 (0.69)	141 (0.68)	11 (0.15)	124 (1.49)	800 (0.92)
A91G/L102S	83	6 (0.06)	6 (0.03)	5 (0.08)	75 (0.90)	698 (0.81)
I67T/L70Q/A91G/ I118V/T120S	436	98 (1.03)	160 (0.77)	5 (0.08)	1751 (21.1)	794 (0.92)
L70Q/A91G/T110A/ I118V/T120S/T130A	437	8 (0.09)	14 (0.07)	5 (0.07)	77 (0.93)	656 (0.76)
M38V/T41D/M43I/ W50G/D76G/V83A/ K89E/I118V/T120S/I126V/T130A	438	5 (0.06)	8 (0.04)	8 (0.11)	82 (0.99)	671 (0.78)
V22A/L70Q/S121P	87	5 (0.06)	7 (0.04)	5 (0.07)	105 (1.27)	976 (1.13)
A12V/S15F/Y31H/M38L/ T41G/M43L/D90N/T130A/P137L/ N149D/ N152T	439	6 (0.06)	6 (0.03)	5 (0.08)	104 (1.25)	711 (0.82)
I67F/L70R/E88G/ A91G/ I118V/T120S/T130A	440	5 (0.05)	6 (0.03)	6 (0.08)	62 (0.74)	1003 (1.16)

[0712]

표 7: CD28 에 대해 선택된 변이체 CD80. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터

CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	Binding			항- CD3 과의 공동고정	MLR
		CD28 MFI (모 비율)	CTLA- 4 MFI (모 비율)	PD-L1 MFI (모 비율)	IFN-감마 pg/ml (모 비율)	IFN-감마 수준 pg/ml (모 비율)
E24G/L25P/L70Q/A91G/I118V/T120S/N152T	441	26 (0.27)	38 (0.18)	8 (0.11)	101 (1.21)	969 (1.12)
A91G/F92L/F108L/I118V/T120S	442	50 (0.53)	128 (0.61)	16 (0.11)	59 (0.71)	665 (0.77)
WT CD80	28	95 (1.00)	208 (1.00)	70 (1.00)	83 (1.00)	866 (1.00)

[0713]

표 8: PD-L1 에 대해 선택된 변이체 CD80. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터

CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	결합			Coimmobilization with 항-CD3	MLR
		CD28 MFI (모 비율)	CTLA-4 MFI (모 비율)	PD-L1 MFI (모 비율)	IFN-감마 pg/ml (모 비율)	IFN-감마 수준 pg/ml (모 비율)
R29D/Y31L/Q33H/ K36G/M38I/ T41A/ M43R/M47T/E81V/ L85R/K89N/A91T/ F92P/K93V/ R94L/ I118T/N149S	92	1071 (0.08)	1089 (0.02)	37245 (2.09)	387 (0.76)	5028 (0.26)
R29D/Y31L/Q33H/ K36G/M38I/T41A/ M43R/M47T/E81V/ L85R/K89N/A91T/ F92P/K93V/R94L/ N144S/N149S	93	1065 (0.08)	956 (0.02)	30713 (1.72)	400 (0.79)	7943 (0.41)
R29D/Y31L/Q33H/ K36G/M38I/T41A/ M42T/M43R/M47T/ E81V/L85R/K89N/ A91T/F92P/K93V/ R94L/L148S/N149S	94	926 (0.07)	954 (0.02)	47072 (2.64)	464 (0.91)	17387 (0.91)
E24G/R29D/Y31L/ Q33H/K36G/M38I/ T41A/M43R/M47T/ F59L/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/ K93V/R94L/H96R/	95	1074 (0.08)	1022 (0.02)	1121 (0.06)	406 (0.80)	13146 (0.69)

[0714]

표 8: PD-L1 에 대해 선택된 변이체 CD80. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터

CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	결합			Coimmobilization with 항-CD3	MLR
		CD28 MFI (모 비율)	CTLA-4 MFI (모 비율)	PD-L1 MFI (모 비율)	IFN-감마 pg/ml (모 비율)	IFN-감마 수준 pg/ml (모 비율)
N149S/C182S						
R29D/Y31L/Q33H/ K36G/M38I/T41A/ M43R/M47T/E81V/ L85R/K89N/A91T/ F92P/K93V/R94L/ N149S	96	1018 (0.08)	974 (0.02)	25434 (1.43)	405 (0.80)	24029 (1.25)
R29V/M43Q/E81R/ L85I/K89R/D90L/ A91E/F92N/K93Q/ R94G	97	1029 (0.08)	996 (0.02)	1575 (0.09)	342 (0.67)	11695 (0.61)
T41I/A91G	98	17890 (1.35)	50624 (1.01)	12562 (0.70)	433 (0.85)	26052 (1.36)
E88D/K89R/D90K/A91G/ F92Y/K93R/N122S/ N177S	443	41687 (3.15)	49429 (0.99)	20140 (1.13)	773 (1.52)	6345 (0.33)
E88D/K89R/D90K/A91G/ F92Y/K93R	102	51663 (3.91)	72214 (1.44)	26405 (1.48)	1125 (2.21)	9356 (0.49)
K36G/K37Q/M38I/ L40M/F59L/E81V/L85R/ K89N/A91T/F92P/ K93V/R94L/E99G/ T130A/N149S	445	1298 (0.10)	1271 (0.03)	3126 (0.18)	507 (1.00)	3095 (0.16)
E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R	102	31535 (2.38)	50868 (1.02)	29077 (1.63)	944 (1.85)	5922 (0.31)
K36G/K37Q/M38I/ L40M	103	1170 (0.09)	1405 (0.03)	959 (0.05)	427 (0.84)	811 (0.04)
K36G/L40M	443	29766 (2.25)	58889 (1.18)	20143 (1.13)	699 (1.37)	30558 (1.59)
WTCD80	28	13224 (1.00)	50101 (1.00)	17846 (1.00)	509 (1.00)	19211 (1.00)

[0715]

실시예 7

[0716]

리간드 결합 경쟁 분석

[0717]

[443] 실시예 6에 제시된 바와 같이, 몇몇 변이체 CD80 분자는 CD28 및 PD-L1 중 일방 또는 양방 모두에 대해 향상된 결합을 나타내었다. 리간드 CD28 및 PD-L1에 대한 CD80의 결합 활성을 더 평가하기 위해 이 실시예는 CD28 및 PD-L1 양자 모두에 결합하는 예시적인 변이체 CD80 폴리펩타이드의 비-경쟁적 속성을 평가하는 리간드 경쟁 분석법을 설명한다.

[0719]

[444] CD80이 CD28와 PD-L1에 동시에 결합하는 능력을 평가하기 위해 플레이트-결합된 변이체 CD80 A91G ECD-Fc가 통합된 ELISA 기반 결합 분석법을 구축하였다. Maxisorp 96 웰 ELISA 플레이트 (Nunc, USA)를 PBS 내 100nM 인간 재조합 변이체 CD80 A91G ECD-Fc 용합 단백질로 밤새 코팅하였다. 다음 날 미결합 단백질을 씻어내고, 실온에서 1 시간 동안 1% 소혈청 알부민 (Millipore, USA)/PBS를 이용하여 플레이트를 블로킹시켰다. 이 블로킹 시약을 PBS/ 0.05% Tween을 이용하여 3회 세척해냈고, 이것은 각 세척 당 플랫폼 진탕기 상에서의 2분간의 인큐베이션을 포함하였다.

[0720]

[445] 경쟁 분석의 한 편에서는, CD80을 CD28과 인큐베이션한 다음 CD28-결합 CD80을 공지의 다른 CD80 리간드 카운터 구조물 PD-L1 또는 CTLA-4 또는 음성 대조군 리간드 PD-L2의 존재 하에서의 경쟁적 결합에 대해 평가하였다. 구체적으로, 바이오티닐화된 재조합 인간 CD28 Fc 용합 단백질 (rCD28.Fc; R&D Systems)을 10 nM으로부터 시작하여 웰 내로 적정하고 25 μ l 부피로 1:2 희석하여 8 포인트 희석하였다. 바이오티닐화된 rCD28.Fc의 첨가 직후, 미표지 경쟁 바인더, 재조합 인간 PD-L1 모노머 his-태그된 단백질, 재조합 인간 CTLA-4 모노머 his-태그된 단백질, 또는 음성 대조군 인간 재조합 PD-L2 Fc 용합 단백질 (R&D Systems)을 25 μ l 중에 각각 2000/1000/500 nM의 농도로 첨가하여 최종 부피를 50 μ l로 하였다. 전술한 3회 세척 단계를 반복하기에 앞서 이들 단백질을 1시간 동안 함께 인큐베이션하였다.

[0721]

- [0722] [446] 세척 후, 결합된 바이오티닐화 rCD28.Fc의 검출을 위해 웰 당 2.5 ng의 HRP-컨쥬게이트된 스트렙타아비딘(Jackson ImmunoResearch, USA)을 1% BSA/PBS로 희석하고 웰에 첨가하였다. 1시간 인큐베이션한 후, 웰들을 전술한 바와 같이 다시 3회 세척하였다. 시그널 검출을 위해, 세척 후 50 μ l의 TMB 기질(Pierce, USA)을 웰에 첨가하고 7분간 인큐베이션한 다음 50 μ l 2M 황산 중결 용액을 첨가하였다. Emax Plus 마이크로플레이트 판독기(Molecular Devices, USA) 상에서 광학 밀도를 구하였다. 광학 밀도 값을 Prism (Graphpad, USA)을 이용하여 그래프화하였다.
- [0723] [447] 결과를 도 7A에 나타내었다. 이 결과는 rCD28.Fc의 적정과 함께 변이체 CD80 A91G ECD-Fc 융합 단백질에 대한, 바이오티닐화된 rCD28.Fc의 결합이 감소되었음을 나타낸다. 비-경쟁적 대조군 단백질 rPDL2의 존재 하에 rCD28.Fc 결합이 수행된 경우, CD80에 대한 CD28 결합은 감소하지 않았다 (검은 삼각형). 이와 대조적으로, 경쟁적 대조군, rCTLA-4은 CD28.Fc와 함께 인큐베이션된 경우, 예상된 대로 CD80에 대한 CD28 결합을 감소시켰다(x축). 재조합 PD-L1을 CD28.Fc와 함께 인큐베이션한 경우에는 CD80에 대한 CD28 결합의 감소가 관찰되지 않았는데, 이는 CD80에 대한 CD28 및 PD-L1의 에피토프가 비-경쟁적임을 입증하는 것이다. CD80에 대한 CD28 경쟁 분석에 사용된 재조합 PD-L1 단백질의 결합은 비-바이오티닐화된 rCD28.Fc의 존재 하에 바이오티닐화된 PD-L1을 인큐베이션함으로써 확인되었다 (사각형).
- [0724] [448] CD80을 PD-L1과 함께 인큐베이션시킨 다음, PD-L1-결합된 CD80을, 공지의 다른 CD80 리간드 카운터 구조물 CD28 또는 CTLA-4 또는 음성 대조군 리간드 PD-L2의 존재 하에서의 경쟁적 결합에 대해 평가하는, 역 경쟁(reverse competition)도 셋업하였다. 구체적으로, 이 분석법은 바이오티닐화된 재조합 인간 PD-L1-His 모노머 단백질을, 재조합 변이체 CD80을 함유하는 웰 내로 적정함으로써 수행하였다. 이 리간드에 대한 결합은 더 약하기 때문에, 적정은 5000 nM으로 시작되되 마찬가지로 25 μ l 부피로 8포인트에 걸쳐 1:2 희석하였다. 결합을 검출하기 위해 rPD-L1-his가 사용된 경우, 경쟁적 리간드들인 인간 rCD28.Fc, 인간 rCTLA-4.Fc, 또는 인간 rPD-L2.Fc 대조군들을, 총 50 μ l 부피가 되도록, 25 μ l 내 2.5nM 최종 농도로 첨가하였다. 후속적인 세척, 검출 및 OD 측정은 전술한 바와 같다.
- [0725] [449] 결과를 도 7B에 나타내었다. 적정된 PD-L1-his 결합 단독은 플레이트에 고정된 변이체 CD80 A91G ECD-Fc 융합 분자에 PD-L1이 결합되었음을 확인해주었다(사각형). 비-경쟁적 대조군 단백질, rPDL2의 존재 하에 PD-L1-His 결합이 수행된 경우 CD80에 대한 PD-L1 결합은 감소되지 않았다 (삼각형). CTLA-4가 CD28에 대해 경쟁적임에도 불구하고, CD28-경쟁적 대조군 단백질, rCTLA-4은, PD-L1-his와 함께 인큐베이션된 경우, CD80에 대한 PD-L1 결합을 감소시키지 않았다(x축). 이 결과는 CD80 결합에 대한 CD28과 PD-L1 사이의 경쟁의 부재를 추가로 입증했다. 마지막으로, PD-L1-his를 CD28.Fc와 함께 인큐베이션한 경우, CD80에 대한 PD-L1 결합의 감소는 관찰되지 않았고, 이는 CD80에 대한 CD28 및 PD-L1의 에피토프가 비-경쟁적임을 입증하였다.
- [0726] [450] 따라서, 이들 결과는 PD-L1 또는 음성 대조군 PD-L2가 아닌 CTLA-4가 CD80에 대한 CD28의 결합에 대해 경쟁적이었음과 (도 7A), CD28, CTLA-4 및 PD-L2는 CD80에 대한 CD28의 결합에 대해 경쟁하지 않았음을 보여준다 (도 7B). 따라서, 이들 결과는 CD28 및 PD-L1이 CD80의 비-경쟁적 결합체라는 것과, 이러한 비-경쟁적 결합이 ELISA에서 어느 리간드가 검출되는지와 무관하게 입증하는 것이다.
- [0727] **실시예 8**
- [0728] **부가적인 친화성 변형된 IgSF 도메인**
- [0729] [451] 이 실시예는 면역 활성화 및 억제 두 가지 모두에서 이중 역할을 하는 것으로 입증된 바 있는, 부가적인 친화성 변형된 ICOSL, CD86 (B7-2) 및 Nkp30 면역조절 단백질의 설계, 생성 및 스크리닝을 설명한다. 이들 실시예는 IgSF 도메인의 친화성 변형이 면역활적 활성을 증가 및 감소시키는 작용을 모두 할 수 있는 단백질을 생성함을 입증한다. 이 연구는 또한 변이체 친화성 변형된 CD80과 쌍으로 (즉, 적층된) 융합된 도메인의 다양한 조합이 면역조절 활성을 달성하기 위해 II형 면역조절 단백질을 형성하는 것을 기술한다.
- [0730] [452] 효모 디스플레이 라이브러리로서의 면역 및 발현을 위한 인간 ICOSL, CD86 및 Nkp30 IgSF 도메인의 돌연변이 DNA 작제물을 실시예 1에 설명된 바와 같이 생성하였다. 축퇴 코돈으로 완전 또는 부분적으로 무작위화하기 위한 표적 단백질의 특이적 잔기를 표적으로하는 라이브러리를 위해, 인간 ICOSL (SEQ ID NO:32) 및 Nkp30 (SEQ ID NO:54)의 세포외 도메인 (ECD)에 대한 코딩 DNA 서열을 최대 80 염기쌍(bp) 길이의 중복 올리고뉴클레오타이드로서 Integrated DNA Technologies (Coralville, IA)로부터 주문하였다. 실제로 실시예 1에 설명된 바와 같은 표적화 돌연변이에 의해 잔기들을 돌연변이 시켰다. 별법으로, 실제로 실시예 1에 설명된 바와 같이 ICOSL (SEQ ID NO:32), CD86 (SEQ ID NO: 29) 및 Nkp30 (SEQ ID NO:54)의 ECD의 변이체들을 동정하기 위해 무

작위 라이브러리를 작제하였다.

- [0731] [453] 측퇴 및 무작위 라이브러리 DNA를 실제로 실시예 2에 설명된 바와 같이 효모 내로 도입하여 효모 라이브러리를 생성하였다. 이 라이브러리를 이용하여 실제로 실시예 3에 설명된 바와 같이, ICOSL, CD86 및 Nkp30의 친화성 변형된 변이체들을 발현하는 효모를 선별하였다. 실제로 실시예 3에 설명된 바와 같이 그의 외인성 재조합 카운터-구조물 단백질에 대한 결합능을 갖는 ICOSL, CD86 또는 Nkp30 변이체를 농축시키고 비-바인더들을 감소시키기 위해 세포를 처리하였다. 이어서 개선된 바인더를 나타내는 효모 세포 분획을 농축하기 위해 외인성 카운터-구조물 단백질 염색을 이용한 유세포분석 소팅을 2 내지 3 라운드 수행하였다. 자성 비드 농축 및 유세포분석에 의한 선별에 대하여는 기본적으로 문헌 [Keith D. Miller,¹ Noah B. Pefaur,² 및 Cheryl L. Baird¹ Current Protocols in Cytometry 4.7.1-4.7.30, July 2008]에 설명되어 있다.
- [0732] [454] ICOSL, CD86 및 Nkp30 라이브러리를 이용하여, 다음과 같은 표적 리간드 단백질을 R&D Systems (USA)으로부터 공급받았다: 인간 rCD28.Fc (즉, 재조합 CD28-Fc 융합 단백질), rCTLA4.Fc, rICOS.Fc, 및 rB7H6.Fc. 2-색상 유세포분석법을 실제로 실시예 3에 설명된 바에 따라 수행하였다. 유세포분석 소트로부터의 효모 아웃풋을 보다 높은 특이적 결합 친화성에 대해 분석하였다. 소트 아웃풋 효모를 증식 및 재-유도하여 이들이 인코딩하는 특정 IgSF 친화성 변형된 도메인 변이체를 발현시켰다. 이어서 이 집단을 유세포분석에 의해, 모균주, 야생형 효모 균주 또는 다른 선택된 아웃풋, 예컨대 비드 아웃풋 효모 집단과 비교할 수 있다.
- [0733] [455] ICOSL의 경우, 제2 소트 아웃풋(F2)을, 각 rICOS.Fc, rCD28.Fc 및 rCTLA4.Fc의 결합에 대한 모(parent) ICOSL 효모에 대한 것과 항-HA (헤마글루티닌) 태그 발현 및 2차 항-인간 Fc에 의해 각 집단을 이중으로 염색함으로써 비교하여 리간드 결합을 검출하였다.
- [0734] [456] ICOS에 결합하기 위해 선택된 ICOSL 효모 변이체의 경우, 5.6 nM rICOS.Fc로 염색한 경우, F2 소트 아웃풋은 997의 평균 형광강도 (MFI) 값을 나타낸 반면, 모 ICOSL 균주 MFI는 동일한 농도의 rICOS.Fc로 염색된 경우 397로 측정되었다. 이것은 이 클론의 선택된 F2 풀에서의 평균 결합의 대략 3배 개선을 나타내며, 그 풀로부터의 개별 클론을 개별적으로 시험될 경우 훨씬 향상된 MFI/친화성을 가질 것으로 예측된다.
- [0735] [457] CD28에 결합하기 위해 선택된 ICOSL 효모 변이체의 경우, 100 nM rCD28.Fc로 염색한 경우, F2 소트 아웃풋은 640의 평균 형광강도 (MFI) 값을 나타낸 반면, 모 ICOSL 균주 MFI는 동일한 농도의 rCD28.Fc로 염색된 경우 27로 측정되었다 (22배 향상). CTLA-4에 대한 결합을 위해 선택된 ICOSL 효모 변이체의 경우, F2 소트 아웃풋은 100nM rCTLA4.Fc로 염색한 경우, 949의 MFI 값을 나타낸 반면, 모 ICOSL 균주의 MFI 값은 동일한 농도의 rCTLA4.Fc로 측정시 29였다 (32배 향상).
- [0736] [458] B7-H6에 결합하기 위해 선택된 Nkp30 효모 변이체의 경우, 16.6nM rB7H6.Fc로 염색시 F2 소트 아웃풋은 533의 MFI 값을 나타낸 반면, 모 Nkp30 균주의 MFI는 동일한 농도의 rB7H6.Fc로 염색시 90으로 측정되었다 (6배 향상).
- [0737] [459] 동정된 Nkp30 변이체 중, SEQ ID NO: 54에 제시된 위치에 상응하는 Nkp30 세포의 도메인의 위치와 관련하여 돌연변이 L30V/A60V/S64P/S86G를 함유하는 변이체가 확인되었다. 동정된 CD86 변이체 중에는 SEQ ID NO:29에 제시된 위치에 상응하는 CD86 세포의 도메인의 위치와 관련하여 돌연변이 Q35H/H90L/Q102H가 확인되었다. 동정된 ICOSL 변이체 중에는 하기 표 9에 제시된, 그리고 더 나중에 설명되는 변이체가 있다.
- [0738] [460] CD80의 경우처럼 FL1에서 항-HA 항체로 측정시 전술한 모든 F2 아웃풋의 MFI는 야생형 균주에 비해 증가하지 않았고 때로는 저하되었는데, 이는 증가된 결합이, 효모 표면에서의 선택된 변이체의 증가된 발현의 함수가 아님을 가리키며, 높은 리간드 결합을 나타내면서 중간 내지 낮은 발현체만을 선택하는 게이팅 전략이 검증되었다.
- [0739] [461] 예시적인 선택 아웃풋을 실시예 4에 실제로 설명된 바와 같이, Fc 분자에 융합된 ICOSL의 친화성 변형된 (변이체) 세포의 도메인 (ECD)를 함유하는 면역조절 단백질(변이체 ECD-Fc 융합 분자)로서 재포맷하고 실시예 5에 실제로 설명된 바와 같이 Fc-융합 단백질을 발현 및 정제하였다.
- [0740] [462] 이어서 세포-발현된 카운터 구조물에 대한 예시적인 ICOSL Fc 융합 변이체의 결합을 실질적으로 실시예 6에 기재된 바와 같이 평가하였다. 동족 결합 파트너를 발현하는 세포를 생성하기 위해, 인간 CD28 및 ICOS 각각에 대한 전장 포유동물 표면 발현 작제물들을 실제로 실시예 6에 기재된 바와 같이 수행하였다. 또한, Fc-융합 변이체 단백질의 생체 활성을 실제로 실시예 6에 설명된 바와 같이 항-CD3 공동고정 분석법 또는 림프구 혼합 배양반응 (MLR)에 의해 특징화하였다.

- [0741] [463] 예시적인 시험된 변이체에 대한 결합 및 활성화 연구의 결과를 표 9에 나타내었다. 특히, 표 9는 각각의 동족 구조물 ICOS 및 CD28에 대한 친화성-성숙을 위해 스크리닝된 ICOSL의 ECD에서의 예시적인 IgSF 도메인 아미노산 치환(대체)을 나타낸다. 예시적인 아미노산 치환은 다음과 같이 각각의 비변형 레퍼런스 ECD 서열에 상응하는 아미노산 위치 번호에 의해 표시된다. 예컨대, 표 9에서 비변형 레퍼런스 ECD 서열은 SEQ ID NO:32에 제시된 비변형 ICOSL ECD 서열이다. 아미노산 위치는 중간에 표시되고, 대응하는 비변형(예컨대 야생형) 아미노산은 상기 번호 앞에 그리고 동정된 변이체 아미노산 치환은 상기 번호 뒤에 표시한다. 칼럼 2는 각 변이체 ECD-Fc 융합 분자에 대한 변이체 ECD의 SEQ ID NO 식별자를 나타낸다.
- [0742] [464] 또한 동족 카운터 구조물을 발현하도록 조작된 세포에 대한 각 변이체 Fc-융합 분자의 결합에 대한 평균 형광강도(MFI) 값 및 동일한 세포-발현 카운터 구조 리간드에 대한 아미노산 치환(들)을 함유하지 않는 상응하는 비변형 ECD-Fc 융합 분자의 결합과 비교한 MFI의 비율에 의해 측정된 결합 활성화도 나타내었다. T 세포의 활성을 조절하기위한 변이체 Fc-융합 분자의 기능적 활성화 역시도 i) 항-CD3과 공동고정된 지시된 변이체 ECD-Fc 융합 분자 또는 ii) MLR 분석에서 표시된 변이체 ECD-Fc 융합 분자에 의해 생성된 배양 상등액 중 IFN- 감마의 계산된 수준 (pg/ml)에 기초하여 나타내었다. 이들 표는 또한 두 가지 기능성 분석 모두에서 대응하는 비변형 ECD-Fc에 대한 각 변이체 ECD-Fc에 의해 생성된 IFN-감마의 비율도 나타낸다.
- [0743] [465] 나타난 바와 같이, 이러한 선택에 의해, 친화성-변형된 적어도 하나, 일부 경우에 다수의 동족체 카운터 구조물 리간드에 대해 증가된 결합을 나타내는 친화성-변형된 ICOSL IgSF 도메인 변이체들이 여러개 동정되었다. 또한, 이러한 결과는 변이체 분자의 친화성 변형이 분자의 포맷에 따라 면역학적 활성을 증가 및 감소시키는 개선된 활성을 나타낸다는 것도 보여주었다. 예를 들어, 리간드의 공동고정은 아미노산 치환을 함유하지 않은 비변형(예, 야생형) ECD-Fc 분자와 비교하여 아고니스트 활성을 선호하고 T 세포 활성화를 증가시키기 위해 결합력을 증가 시키거나 클러스터링하는 세포와의 다가 상호작용을 제공할 가능성이 있다. 그러나, 분자가 용액 중에 2가 Fc 분자로서 제공될 경우, 동일한 IgSF 도메인 변이체들은 아미노산 치환(들)을 함유하지 않는 비변형(예, 야생형) ECD-Fc 분자에 비해 T 세포 활성화를 감소시키는 길항 활성을 나타내었다.

표 9: CD28 또는 ICOS 에 대해 선택된 ICOSL 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터

ICOSL 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	결합		항-CD3 과의 공동고정	MLR
		ICOSOD (모 비율)	CD28 MFI (모 비율)	IFN-감마 pg/ml (모 비율)	IFN-감마 수준 pg/ml (모 비율)
N52S	109	1.33 (1.55)	162 (9.00)	1334 (1.93)	300 (0.44)
N52H	110	1.30 (1.51)	368 (20.44)	1268 (1.83)	39 (0.06)
N52D	111	1.59 (1.85)	130 (7.22)	1943 (2.80)	190 (0.28)
N52Y/N57Y/ F138L/L203P	112	1.02 (1.19)	398 (22.11)	510* (1.47*)	18 (0.03)
N52H/N57Y/Q100P	113	1.57 (1.83)	447 (24.83)	2199 (3.18)	25 (0.04)
N52S/Y146C/Y152C	114	1.26 (1.47)	39 (2.17)	1647 (2.38)	152 (0.22)
N52H/C198R	115	1.16 (1.35)	363 (20.17)	744* (2.15*)	ND (ND)
N52H/C140del/ T225A	478	ND (ND)	154 (8.56)	522* (1.51*)	ND (ND)
N52H/C198R/T225A	117	1.41 (1.64)	344 (19.11)	778* (2.25*)	0 (0)
N52H/K92R	118	1.48 (1.72)	347 (19.28)	288* (0.83*)	89 (0.13)
N52H/S99G	119	0.09 (0.10)	29 (1.61)	184* (0.53*)	421 (0.61)
N52Y	120	0.08 (0.09)	18 (1.00)	184* (0.53*)	568 (0.83)
N57Y	121	1.40 (1.63)	101 (5.61)	580* (1.68*)	176 (0.26)
N57Y/Q100P	122	0.62 (0.72)	285 (15.83)	301* (0.87*)	177 (0.26)
N52S/S130G/ Y152C	123	0.16 (0.19)	24 (1.33)	266* (0.77*)	1617 (2.35)
N52S/Y152C	124	0.18 (0.21)	29 (1.61)	238* (0.69*)	363 (0.53)
N52S/C198R	125	1.80 (2.09)	82 (4.56)	1427 (2.06)	201 (0.29)
N52Y/N57Y/ Y152C	126	0.08 (0.09)	56 (3.11)	377* (1.09*)	439 (0.64)
N52Y/N57Y/H129P/C198R	127	ND (ND)	449 (24.94)	1192 (1.72)	ND (ND)
N52H/L161P/ C198R	128	0.18 (0.21)	343 (19.05)	643* (1.86*)	447 (0.65)
N52S/T113E	129	1.51 (1.76)	54 (3.00)	451* (1.30*)	345 (0.50)

[0744]

표 9: CD28 또는 ICOS 에 대해 선택된 ICOSL 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터					
ICOSL 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	결합		항-CD3 과의 공동고정	MLR
		ICOSOD (모 비율)	CD28 MFI (모 비율)	IFN-감마 pg/ml (모 비율)	IFN-감마 수준 pg/ml (모 비율)
S54A	130	1.62 (1.88)	48 (2.67)	386* (1.12*)	771 (1.12)
N52D/S54P	131	1.50 (1.74)	38 (2.11)	476* (1.38*)	227 (0.33)
N52K/L208P	132	1.91 (2.22)	291 (16.17)	1509 (2.18)	137 (0.20)
N52S/Y152H	133	0.85 (0.99)	68 (3.78)	2158 (3.12)	221 (0.32)
N52D/V151A	134	0.90 (1.05)	19 (1.06)	341* (0.99*)	450 (0.66)
N52H/I143T	135	1.83 (2.13)	350 (19.44)	2216 (3.20)	112 (0.16)
N52S/L80P	136	0.09 (0.10)	22 (1.22)	192* (0.55*)	340 (0.49)
F120S/Y152H/ N201S	137	0.63 (0.73)	16 (0.89)	351* (1.01*)	712 (1.04)
N52S/R75Q/L203P	138	1.71 (1.99)	12 (0.67)	1996 (2.88)	136 (0.20)
N52S/D158G	139	1.33 (1.55)	39 (2.17)	325* (0.94*)	277 (0.40)
N52D/Q133H	140	1.53 (1.78)	104 (5.78)	365* (1.05*)	178 (0.26)
WT ICOSL	32	0.86 (1.00)	18 (1.00)	692 / 346* (1.00)	687 (1.00)

*: WT ICOSL 에 대해 346 pg/ml IFN-감마를 사용하여 계산된 모 비율

실시예 9

상이한 친화성-변형된 도메인들을 함유하는 적층된 분자들의 생성 및 평가

[466] 이 실시예는 동정된 변이체 CD80 폴리펩타이드 및 하나 이상의 부가적인 변이체 CD80, CD86, ICOSL, 및 NKp30 분자이 한데 연결되어 Fc에 융합된, 적어도 2종의 상이한 친화성 변형된 도메인들을 함유하는 적층 작제 물로서 생성된 추가적인 면역조절 단백질을 설명한다.

[467] Selected 하나 이상의 카운터 구조 리간드에 대해 친화성-변형된 전술한, 선택된 변이체 분자들을 이용하여 친화성-변형된 IgSF 도메인들을 두 개 이상 함유하는 "적층(stack)" 분자(즉, II형 면역조절 단백질을 생성 하였다. 적층 구조물들은 Gibson 어셈블리 키트 (New England Biolabs)를 이용함으로써 표준 Gibson 어셈블리에 의해 Fc에 대한 그의 융합을 가능케 하는 포맷으로 적층체를 인코딩하는 유전자블록(geneblocks) (Integrated DNA Technologies, Coralville, IA)으로서 수득되었다.

[468] 다음과 같이 디자인된 단백질을 인코딩하기 위해 모든 적층체의 인코딩 핵산 분자들을 생성하였다: 전술한 바와 같이 시그널 펩타이드, 이어서 목적하는 제1 변이체 IgV, 이어서 3개의 GGGGS(G4S) 모티프로 구성된 15 개 아미노산 링커(SEQ ID NO:228), 이어서 목적하는 제2의 IgV, 이어서 2개의 GGGGS 링커 (SEQ ID NO: 229) 이어서 3개의 알라닌(AAA), 이어서 인간 IgG1 Fc. 각 적층체에 있어서 IgV 도메인들의 정확한 폴딩 기회를 최대화 하기 위해, 제1 IgV에 앞서, 이 IgV와 시그널 펩타이드(선행 서열) 사이에 야생형 단백질에서 정상적으로 발생 하는 모든 잔기들을 선행시켰다. 마찬가지로, 제1 IgV에 이어서 야생형 단백질에서 이것을 보통 다음 Ig 도메인 (일반적으로 IgC 도메인)에 연결시키는 모든 잔기 또는 만일 제2 IgV 도메인이 부재할 경우, 이것을 막통과 도메인(후행 서열)과 연결시키는 잔기가 후행하였다. 두 개의 IgV 도메인들 모두가 동일한 모 단백질 (예컨대 다른 CD80 IgV와 함께 적층된 CD80 IgV)로부터 유래된 경우, 이들 양자 사이에 링커가 중복되지 않는 경우를 제외 하고, 동일한 디자인 원리가 제2의 IgV 도메인에도 적용되었다.

[469] 표 10에는 예시적인 적층된 구조물들에 대한 디자인이 기재되어 있다. 표 10에 나타나 있는 예시적인 적층 분자들은 표시된 바와 같은 IgV 도메인들 및 부가적으로 전술한 바와 같은 선행 서열 또는 후행 서열을 함유

한다. 표에서, 다음의 성분들이 순서대로 제시된다: 시그널 펩타이드 (SP; SEQ ID NO:225), IgV 도메인 1 (IgV1), 후행 서열 1 (TS1), 링커 1 (LR1; SEQ ID NO:228), IgV 도메인 2(IgV2), 후행 서열 2 (TS2), 링커 2 (LR2; SEQ ID NO:230) 및 Fc 도메인 (C5S/R77C/N82G/V87C 아미노산 치환을 함유하는 SEQ ID NO:226). 몇 경우, 선행 서열 1(LS1)은 시그널 펩타이드와 IgV1 사이에 존재하고 몇몇 경우 선행 서열 2 (LS2)는 링커와 IgV2 사이에 존재한다

표 10: 예시적인 적응 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: NKp30 WT	+	-	214	235	+	-	152	371	+	+
도메인 2: CD80 WT										
도메인 1: NKp30 WT	+	-	214	235	+	236	220	237	+	+
도메인 2: CD86 WT										
도메인 1: NKp30 L30V/A60V/S64P/S86G	+	-	215	235	+	-	192	371	+	+
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S										
도메인 1: NKp30 L30V/A60V/S64P/S86G	+	-	215	235	+	-	175	371	+	+
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S										
도메인 1: CD80 WT	+	-	152	371	+	-	214	235	+	+
도메인 2: Nkp30 WT										
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	+	-	192	371	+	-	215	235	+	+
도메인 2: NKp30 L30V/A60V/S64P/S86G										
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	+	-	175	371	+	-	215	235	+	+
도메인 2: NKp30 L30V/A60V/S64P/S86G										
도메인 1: CD80 WT	+	-	152	371	+	-	196	233	+	+
도메인 2: ICOSL WT										

[0752]

표 10: 예시적인 적층 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: CD80 WT	+	-	152	371	+	236	220	237	+	+
도메인 2: CD86 WT										
도메인 1: CD80 WT	+	-	152	371	+	-	152	371	+	+
도메인 2: CD80 WT										
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R	+	-	189	371	+	-	192	371	+	+
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S										
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T	+	-	193	371	+	-	192	371	+	+
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S										
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T	+	-	193	371	+	-	175	371	+	+
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T 120S										
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R	+	-	189	371	+	236	221	237	+	+
도메인 2: CD86 Q35H/H90L/Q102 H										
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T	+	-	193	371	+	236	221	237	+	+
도메인 2: CD86 Q35H/H90L/Q102 H										

[0753]

표 10: 예시적인 적층 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	189	371	+	-	213	233	+	+
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										
도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	193	371	+	-	213	233	+	+
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										
도메인 2: ICOSL N52D	+	-	193	371	+	-	199	233	+	+
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100 P	+	-	189	371	+	-	201	233	+	+
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100 P	+	-	193	371	+	-	201	233	+	+
도메인 1: ICOSL WT										
도메인 2: CD80 WT	+	-	196	233	+	-	152	371	+	+
도메인 1: CD86 WT										
도메인 2: CD80 WT	+	236	220	237	+	-	152	371	+	+

[0754]

표 10: 예시적인 적응 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S	+	-	192	371	+	-	189	371	+	+
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S	+	-	192	371	+	-	193	371	+	+
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T 120S	+	-	175	371	+	-	189	371	+	+
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T 120S	+	-	175	371	+	-	193	371	+	+
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										
도메인 1: CD86 Q35H/H90L/Q102 H	+	236	221	237	+	-	189	371	+	+
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 1: CD86 Q35H/H90L/Q102 H	+	236	221	237	+	-	193	371	+	+
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										

[0755]

표 10: 예시적인 적층 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	213	233	+	-	189	371	+	+
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	213	233	+	-	193	371	+	+
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										
도메인 1: ICOSL N52D	+	-	199	233	+	-	189	371	+	+
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 1: ICOSL N52D	+	-	199	233	+	-	193	371	+	+
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										
도메인 1: ICOSL N52H/N57Y/Q100 P	+	-	201	233	+	-	189	371	+	+
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R										
도메인 1: ICOSL N52H/N57Y/Q100 P	+	-	201	233	+	-	193	371	+	+
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T										

[0756]

표 10: 예시적인 적층 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: CD80 V68M/L70P/L72P/ K86E 도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R	+	-	195	371	+	-	189	371	+	+
도메인 1: CD80 R29V/Y31F/K36G/ M38L/M43Q/E81R /V83I/L85I/K89R/ D90L/A91E/F92N/ K93Q/R94G 도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R	+	-	194	371	+	-	189	371	+	+
도메인 1: CD80 V68M/L70P/L72P/ K86E 도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T	+	-	195	371	+	-	193	371	+	+
도메인 1: CD80 R29V/Y31F/K36G/ M38L/M43Q/E81R /V83I/L85I/K89R/ D90L/A91E/F92N/ K93Q/R94G 도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T	+	-	194	371	+	-	193	371	+	+
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R 도메인 2: CD80 V68M/L70P/L72P/ K86E	+	-	189	371	+	-	195	371	+	+

[0757]

표 10: 예시적인 적층 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/ A91G/F92Y/K93R 도메인 2: CD80 R29V/Y31F/K36G/ M38L/M43Q/E81R/ /V83I/L85I/K89R/ D90L/A91E/F92N/ K93Q/R94G	+	-	189	371	+	-	194	371	+	+
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T 도메인 2: CD80 V68M/L70P/L72P/ K86E	+	-	193	371	+	-	195	371	+	+
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/ F59L/E77K/P109S/ I118T 도메인 2: CD80 R29V/Y31F/K36G/ M38L/M43Q/E81R/ /V83I/ L85I/K89R/D90L/ A91E/F92N/K93Q/ R94G	+	-	193	371	+	-	194	371	+	+
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S 도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	192	371	+	-	213	233	+	+
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T 120S 도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	175	371	+	-	213	233	+	+

[0758]

표 10: 예시적인 적층 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S	+	-	192	371	+	-	199	233	+	+
도메인 2: ICOSL N52D										
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T 120S	+	-	175	371	+	-	199	233	+	+
도메인 2: ICOSL N52D										
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S	+	-	192	371	+	-	201	233	+	+
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100 P										
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T 120S	+	-	175	371	+	-	201	233	+	+
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100 P										
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	213	233	+	-	192	371	+	+
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/ Y87N/E88G/K89E/ D90N/A91G/P109S										
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/ L96F/L98F/Q100R/ G103E/ F120S	+	-	213	233	+	-	175	371	+	+
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T 120S										

[0759]

표 10: 예시적인 적층 작제물의 성분들의 아미노산 서열(SEQ ID NO)										
	SP	제 1 도메인			LR1	제 2 도메인			LR2	Fc
		LS1	IgV1	TS1		LS2	IgV2	TS2		
도메인 1: ICOSL N52D										
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	+	-	199	233	+	-	192	371	+	+
도메인 1: ICOSL N52D										
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	+	-	199	233	+	-	175	371	+	+
도메인 1: ICOSL N52H/N57Y/Q100P										
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	+	-	201	233	+	-	192	371	+	+

[0760]

[0761]

[470] 적어도 하나의 친화성-변형된 IgV 도메인을 함유하는 CD80, CD86, ICOSL 또는 Nkp30으로부터의 변이체 IgV 도메인들의 다양한 조합을 함유하는 변이체 IgV-적층된-Fc 융합분자들의 대량 발현 및 정제를 실질적으로 실시예 5에 설명된 바와 같이 수행하였다. 대응하는 카운터 구조에 대한 변이체 IgV-적층된-Fc 융합 분자들의 결합 및 항-CD3 공동고정 분석에 의한 기능적 활성을 실질적으로 실시예 6에 설명된 바와 같이 평가하였다. 예를 들어, 전술한 바와 같이 유사한 공동고정된 항-CD3 분석법으로, 적층된 IgSF Fc 융합 단백질들의 공동자극 생체 활성을 알아보았다. 이 경우, 4nM의 항-CD3 (OKT3, Biolegend, USA)을 4nM 내지 120nM의 인간 rB7-H6.Fc (R&D Systems, USA) 또는 인간 rPD-L1.Fc (R&D Systems, USA)과 함께 조직-배양 처리된 96 웰 플레이트 (Corning, USA) 상에서 밤새 공동고정시켰다. 다음 날 결합되지 않은 단백질을 PBS로 세척하고 100ul Ex-Vivo 15 배지 (Lonza, Switzerland) 내 100,000개의 정제된 범(pan) T 세포들을 각 웰에 첨가하였다. 이어서 적층된 IgSF 도메인들을 총 200ul 부피에 대해 100ul의 부피로 8nM 내지 40nM의 농도 범위로 첨가하였다. 배양 상등액 수확 전 3일 동안 세포들을 배양하고 전술한 바와 같이 DuoSet ELISA 키트 (R&D Systems, USA)를 이용하여 인간 IFN-감마 수준을 측정하였다.

[0762]

[471] 결과를 표 11-14에 나타내었다. 구체적으로, 표 11은 NKp30 IgV 도메인 및 CD80 또는 CD86 IgV 도메인을 함유하는 변이체 IgV-적층된-Fv 융합 분자들에 대한 결합 및 기능적 활성 결과를 기재하고 있다. 표 12는 변이체 CD80 IgV 도메인 및 CD80, CD86 또는 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 변이체 IgV-적층된-Fc 융합 분자들에 대한 결합 및 기능적 활성 결과를 기재하고 있다. 표 13은 두 개의 변이체 CD80 IgV 도메인들을 함유하는 변이체 IgV-적층된-Fc 융합 분자들에 대한 결합 및 기능적 활성 결과를 기재하고 있다. 표 14는 변이체 CD80 IgV 도메인 및 변이체 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 IgV-적층된 Fc 융합 분자들에 대한 결과를 기재한다.

[0763]

[472] 표 11-14 각각에서, 컬럼 1은 아미노 말단 (N 말단) 도메인으로부터 시작하여, C 말단 인간 IgG1 Fc 도메인들에 앞서 위치하는 중간의 WT 또는 친화성 변형된 도메인으로 된 적층된, 친화성 변형된 또는 야생형 (WT) 도메인들의 구조 조직 및 배향을 나타낸다. 컬럼 2는 각각의 "적층" 분자들에 함유된 각 IgV 도메인의 서열에 대한 SEQ ID NO 동정자(identifier)를 나타낸다. 컬럼 3은 컬럼 1로부터의 표시된 친화성 변형된 적층된 도메인들에 대해 선택된 결합 파트너를 나타낸다.

[0764]

[473] 다양한 카운터 구조 리간드들을 발현하도록 조작된 세포들에 대한 각 적층 분자의 결합에 대한 평균 형광 강도(MFI)값 및 동일한 세포-발현된 카운터 구조 리간드에 대한 아미노산 치환(들)을 함유하지 않는 비변형 IgV 도메인들을 함유하는 대응하는 적층 분자의 결합과 비교한 MFI의 비율(ratio)에 의해 측정되는 바와 같은 결합 활성 역시도 나타내었다. T 세포의 활성을 조절하는 변이체 적층 분자들의 기능적 활성 역시도 실시예 6에 설명된 바와 같이 항-CD3과 공동고정된 적절한 리간드 및 분자 중 표시된 변이체 적층 분자와 함께 생성된 배양 상등액(pg/ml)에서의 IFN-감마의 계산된 수준에 기초하여 나타내었다. 이 표는 또한 공동고정 분석에서 대응하는 비변형 적층 분자와 비교시 각 변이체 적층 분자에 의해 생산된 IFN-감마의 비율도 나타낸다.

[0765]

[474] 나타난 바와 같이, 표시된 결과들은 상응하는 비변형(예컨대 야생형) IgV 도메인을 함유하는 대응하는 적

층 분자에 비해, 적어도 하나의 동족 카운터 구조 리간드에 대한 결합이 증가된 친화성-변형된 활성을 나타내는 적어도 하나의 변이체 IgSF 도메인들을 함유하는 적층 분자들을 생성하는 것이 가능하였음을 보여준다. 몇몇 경우, 분자 내 두 개의 변이체 IgSF 도메인들 중 어느 하나 또는 두 개 모두의 조합으로부터의 적층 분자는 두 개 이상의 동족 카운터 구조 리간드에 대해 증가된 결합을 나타내었다. 이러한 결과는 또한 적층된 분자들 중의 IgV 도메인들의 순서가 증가된 결합 활성 정도를 변경시킬 수 있다는 것도 보여주었다. 몇몇 경우, 기능성 T 세포활성은 또한 표적화된 공동고정 분석에서 평가시 변경되었다.

표 11: NKp30 IgV 도메인 및 CD80 또는 CD86 IgV 도메인을 함유하는 적층된 변이체 IgV Fc 용합 단백질					
도메인 구조 N terminal to C terminal: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성		항-CD3 공동고정 분석 pg/ml IFN-감마 (WT 모 IFN-감마 비율)
			B7H6 MFI (WT 모 MFI 비율)	CD28 MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: NKp30 WT	214	-	88823 (1.00)	7022 (1.00)	68 (1.00)
도메인 2: CD80 WT	152				
도메인 1: NKp30 WT	214	-	14052 (1.00)	1690 (1.00)	92 (1.00)
도메인 2: CD86 WT	220				
도메인 1: NKp30 (L30V A60V S64P S86G)	215	B7-H6	53279 (0.60)	9027 (1.29)	94 (1.38)
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28			
도메인 1: NKp30 (L30V A60V S64P S86G)	215	B7-H6	41370 (0.47)	11240 (1.60)	60 (0.88)
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28			
도메인 1: NKp30 (L30V A60V S64P S86G)/	215	B7-H6	68480 (4.87)	9115 (5.39)	110 (1.19)
도메인 2: CD86 Q35H/H90L/Q102H	221	CD28			
도메인 1: CD80 WT	152	-	110461 (1.00)	13654 (1.00)	288 (1.00)
도메인 2: Nkp30 WT	214				
도메인 1: CD86 WT	220	CD28	128899 (1.00)	26467 (1.00)	213 (1.00)
도메인 2: Nkp30 WT	214	B7-H6			
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	55727 (0.50)	4342 (0.32)	100 (0.35)
도메인 2: NKp30 (L30V A60V S64P S86G)	215	B7-H6			
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28	40412 (0.37)	7094 (0.52)	84 (0.29)
도메인 2: NKp30 (L30V A60V S64P S86G)	215	B7-H6			
도메인 1: CD86 Q35H/H90L/Q102H	221	CD28	220836 (1.71)	11590 (0.44)	113 (0.53)
도메인 2: NKp30 (L30V A60V S64P S86G)	215	B7-H6			

[0766]

표 12: CD80 IgV 도메인 및 CD80, CD86, 또는 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 적층된 변이체 IgV Fc 융합 단백질						
도메인 구조 N 말단에 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성			항-CD3 공동고정 분석 pg/ml IFN-감마 (WT 모 IFN-감마 비율)
			CD28 MFI (WT 모 MFI 비율)	PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	ICOS MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: CD80 WT	152		1230 (1.00)	2657 (1.00)	11122 (1.00)	69 (1.00)
도메인 2: ICOSL WT	196					
도메인 1: CD80 WT	152		60278 (1.00)	2085 (1.00)		59 (1.00)
도메인 2: CD86 WT	220					
도메인 1: CD80 WT	152		1634 (1.00)	6297 (1.00)		98 (1.00)
도메인 2: CD80 WT	152					
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1				
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	4308 (2.64)	4234 (0.67)		214 (2.18)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	7613 (4.66)	2030 (0.32)		137 (1.40)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28	3851 (2.36)	3657 (0.58)		81 (0.83)
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1				
도메인 2: CD86 Q35H/H90L/Q102H	221	CD28	4117 (0.07)	2914 (1.40)		96 (1.63)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				
도메인 2: CD86 Q35H/H90L/Q102H	221	CD28	2868 (0.05)	3611 (1.73)		94 (1.60)

[0767]

표 12: CD80 IgV 도메인 및 CD80, CD86, 또는 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 적층된 변이체 IgV Fc 용합 단백질						
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성			항-CD3 공동고정 분석 pg/ml IFN-감마 (WT 모 IFN-감마 비율)
			CD28 MFI (WT 모 MFI 비율)	PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	ICOS MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1				
도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOS/CD28	3383 (2.75)	4515 (1.70)	5158 (0.46)	90 (1.30)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				
도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOS/CD28	2230 (1.81)	2148 (0.81)	3860 (0.35)	112 (1.62)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1 ICOS/CD28	5665 (4.61)	6446 (2.43)	15730 (1.41)	126 (1.83)
도메인 2: ICOSL N52D	199					
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1				
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100P	201	ICOS/CD28	6260 (5.09)	4543 (1.71)	11995 (1.08)	269 (3.90)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100P	201	ICOS/CD28	3359 (2.73)	3874 (1.46)	8541 (0.77)	97 (1.41)
도메인 1: ICOSL WT	196		3000 (1.00)	2966 (1.00)	14366 (1.00)	101 (1.00)
도메인 2: CD80 WT	152					
도메인 1: CD86 WT	220		4946 (1.00)	1517 (1.00)		125 (1.00)
도메인 2: CD80 WT	152					

[0768]

표 12: CD80 IgV 도메인 및 CD80, CD86, 또는 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 적충된 변이체 IgV Fc 융합 단백질						
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성			항-CD3 공동고정 분석 pg/ml IFN-감마 (WT 모 IFN-감마 비율)
			CD28 MFI (WT 모 MFI 비율)	PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	ICOS MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	2832 (1.73)	3672 (0.58)		114 (1.16)
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1				
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	4542 (2.78)	2878 (0.45)		142 (1.45)
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28	938 (0.57)	995 (0.16)		102 (1.04)
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1				
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28	4153 (2.54)	2827 (0.45)		108 (1.10)
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				
도메인 1: CD86 Q35H/H90L/Q102H	221	CD28	14608 (2.95)	2535 (1.67)		257 (2.06)
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1				
도메인 1: CD86 Q35H/H90L/Q102H	221	CD28	2088 (0.42)	2110 (1.39)		101 (0.81)
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1				

[0769]

표 12: CD80 IgV 도메인 및 CD80, CD86, 또는 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 적층된 변이체 IgV Fc 융합 단백질						
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성			항-CD3 공동고정 분석 pg/ml IFN-감마 (WT 모 IFN-감마 비율)
			CD28 MFI (WT 모 MFI 비율)	PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	ICOS MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOS/CD28				
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1	3634 (1.21)	4893 (1.65)	6403 (0.45)	123 (1.22)
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOS/CD28				
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1	1095 (0.37)	5929 (2.0)	7923 (0.55)	127 (1.26)
도메인 1: ICOSL N52D	199	ICOSL/CD28				
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1	2023 (0.67)	5093 (1.72)	16987 (1.18)	125 (1.24)
도메인 1: ICOSL N52D	199	ICOS/CD28				
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1	3441 (1.15)	3414 (1.15)	20889 (1.45)	165 (1.63)
도메인 1: ICOSL N52H/N57Y/Q100P	201	ICOS/CD28				
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1	7835 (2.61)	6634 (2.24)	20779 (1.45)	95 (0.94)
도메인 1: ICOSL N52H/N57Y/Q100P	201	ICOS/CD28				
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1	8472 (2.82)	3789 (1.28)	13974 (0.97)	106 (1.05)

[0770]

표 13: 2 개의 CD80 IgV 도메인을 함유하는 적층된 변이체 IgV Fc 융합 단백질					
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성		기능적 활성 MLR IFN-감마 pg/ml
			PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	CTLA-4 MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: CD80 WT	152		6297 (1.00)	4698 (1.00)	35166 (1.00)
도메인 2: CD80 WT	152				
도메인 1: CD80 V68M/L70P/L72P/K86E	195	CTLA-4			
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F9 2Y/K93R	189	PD-L1	2464 (0.39)	4955 (1.05)	5705 (0.16)
도메인 1: CD80 R29V/Y31F/K36G/M38L/M 43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/ D90L/A91E/F92N/K93Q/R9 4G	194	CTLA-4			
			1928 (0.31)	1992 (0.42)	1560 (0.04)
도메인 2: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F9 2Y/K93R	189	PD-L1			
도메인 1: CD80 V68M/L70P/L72P/K86E	195	CTLA-4			
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E7 7K/P109S/I118T	193	PD-L1	1215 (0.19)	1382 (0.29)	2171 (0.06)
도메인 1: CD80 R29V/Y31F/K36G/M38L/M 43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/ D90L/A91E/F92N/K93Q/R9 4G	194	CTLA-4			
			1592 (0.25)	1962 (0.42)	1512 (0.04)
도메인 2: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E7 7K/P109S/I118T	193	PD-L1			
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F9 2Y/K93R	189	PD-L1			
			1747 (0.28)	2057 (0.44)	9739 (0.28)
도메인 2: CD80 V68M/L70P/L72P/K86E	195	CTLA-4			

[0771]

표 13: 2 개의 CD80 IgV 도메인을 함유하는 적충된 변이체 IgV Fc 융합 단백질					
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성		기능적 활성 MLR IFN-감마 pg/ml
			PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	CTLA-4 MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: CD80 E88D/K89R/D90K/A91G/F92Y/K93R	189	PD-L1			
도메인 2: CD80 R29V/Y31F/K36G/M38L/M43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G	194	CTLA-4	1752 (0.28)	1772 (0.38)	5412 (0.15)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1			
도메인 2: CD80 V68M/L70P/L72P/K86E	195	CTLA-4	1636 (0.26)	1887 (0.40)	7608 (0.22)
도메인 1: CD80 A12T/H18L/M43V/F59L/E77K/P109S/I118T	193	PD-L1			
도메인 2: CD80 R29V/Y31F/K36G/M38L/M43Q/E81R/V83I/L85I/K89R/D90L/A91E/F92N/K93Q/R94G	194	CTLA-4	2037 (0.32)	4822 (1.03)	11158 (0.32)

[0772]

표 14: CD80 IgV 도메인 및 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 적충된 변이체 IgV Fc 융합 단백질					
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성		기능적 활성 MLR IFN-감마 pg/ml
			PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	CTLA-4 MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 1: CD80 WT	152		1230 (1.00)	11122 (1.00)	1756 (1.00)
도메인 2: ICOSL WT	196				
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28			
도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOS/CD28	2280 (1.85)	3181 (0.29)	2281 (1.30)
도메인 1: CD80	175	CD28	2309	26982	1561

[0773]

표 14: CD80 IgV 도메인 및 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 적충된 변이체 IgV Fc 융합 단백질					
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성		기능적 활성 MLR IFN-감마 pg/ml
			PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	CTLA-4 MFI (WT 모 MFI 비율)	
I67T/L70Q/A91G/T120S			(1.88)	(2.43)	(0.89)
도메인 2: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOS/CD28			
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28			
도메인 2: ICOSL N52D	199	ICOS/CD28	4285 (3.48)	22744 (2.04)	1612 (0.92)
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28			
도메인 2: ICOSL N52D	199	ICOS/CD28	3024 (2.46)	16916 (1.52)	3857 (2.20)
도메인 1: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28			
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100P	201	ICOS/CD28	6503 (5.29)	7240 (0.65)	6886 (3.92)
도메인 1: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28			
도메인 2: ICOSL N52H/N57Y/Q100P	201	ICOS/CD28	3110 (2.53)	4848 (0.44)	3393 (1.93)
도메인 1: ICOSL WT	196		3000 (1.00)	14366 (1.00)	4113 (1.00)
도메인 2: CD80 WT	152				
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOSL/CD28			
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	10426 (3.48)	51286 (3.57)	18680 (4.54)
도메인 1: ICOSL N52S/N57Y/H94D/L96F/L98F/Q100R/G103E/F120S	213	ICOS/CD28			
		CD28	17751 (5.92)	29790 (2.07)	10637 (2.59)

[0774]

표 14: CD80 IgV 도메인 및 ICOSL IgV 도메인을 함유하는 적층된 변이체 IgV Fc 융합 단백질					
도메인 구조 N 말단에서 C 말단으로: 도메인 1/도메인 2/Fc	SEQ ID NO (IgV)	선택 대상이 된 카운터 구조물	결합 활성		기능적 활성 MLR IFN-감마 pg/ml
			PD-L1 MFI (WT 모 MFI 비율)	CTLA-4 MFI (WT 모 MFI 비율)	
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175				
도메인 1: ICOSL N52D	199	ICOS/CD28			
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	2788 (0.93)	25870 (1.80)	6205 (1.51)
도메인 1: ICOSL N52D	199	ICOS/CD28			
도메인 2: CD80 I67T/L70Q/A91G/T120S	175	CD28	2522 (0.84)	13569 (0.94)	5447 (1.32)
도메인 1: ICOSL N52H/N57Y/Q100P	201	ICOS/CD28			
도메인 2: CD80 R29H/Y31H/T41G/Y87N/E88G/K89E/D90N/A91G/P109S	192	CD28	9701 (3.23)	9187 (0.64)	5690 (1.38)

[0775]

[0776]

실시예 10

[0777]

막관통 면역조절 단백질을 발현하는 조작된 세포의 생성 및 평가

[0778]

[475] 전술한 변이체 CD80 또는 ICOSL 친화성-변형된 IgSF 도메인을 함유하는 세포의 도메인(ECD)을 함유하는 막관통 면역조절 단백질(TIP)이 키메라 항원 수용체(CAR)와 공동-발현된 조작된 T 세포를 생성하였다. TIP는 또한 상응하는 야생형 CD80 또는 ICOSL 막관통 단백질 서열의 막관통 도메인 및 세포질 도메인도 함유하였다. 조작된 세포들의 면역조절 활성을 CAR만을 발현하는 세포 또는 대응하는 야생형 CD80 또는 ICOSL 막관통 단백질과 CAR을 공동-발현하는 세포와 비교하였다.

[0779]

[476] 예시적인 CD80-TIP는 SEQ ID NO: 1의 잔기 243-288에 상응하는 막관통 및 세포질 도메인과 SEQ ID NO: 28에 제시된 CD80 세포의 도메인 내의 위치를 참조로 I67T/L70Q/A91G/T120S에 상응하는 IgV 및 IgC 도메인에서 아미노산 치환을 함유하는 친화성-변형된 IgSF 도메인을 갖는 변이체 CD80이었다. 예시적인 CD80-TIP의 아미노산 서열은 SEQ ID NO: 241에 제시되어 있으며, SEQ ID NO: 242에 기재된 뉴클레오타이드 서열에 의해 인코딩된다. 상응하는 야생형 CD80 막관통 단백질은 SEQ ID NO: 1의 아미노산 잔기 35-288에 제시된 아미노산 서열을 가지며 SEQ ID NO: 251에 제시된 아미노산 서열에 의해 인코딩된다.

[0780]

[477] 예시적인 ICOSL-TIP는 SEQ ID NO: 5의 잔기 257-302에 상응하는 막관통 및 세포질 도메인과 SEQ ID NO: 32에 제시된 ICOSL 세포의 도메인 내의 위치를 참조로 N52H/I143T에 상응하는 IgV 및 IgC 도메인에서 아미노산 치환을 함유하는 친화성-변형된 IgSF 도메인을 갖는 변이체 ICOSL이었다. 예시적인 ICOSL-TIP의 아미노산 서열은 SEQ ID NO: 243에 제시되어 있으며, SEQ ID NO: 244에 기재된 뉴클레오타이드 서열에 의해 인코딩된다. 상응하는 야생형 ICOSL 막관통 단백질은 SEQ ID NO: 5의 아미노산 잔기 19-302에 제시된 아미노산 서열을 가지며 SEQ ID NO: 252에 제시된 아미노산 서열에 의해 인코딩된다.

[0781]

[478] 대응하는 비-친화성 변형된 IgSF 도메인을 함유하는 야생형-막관통 단백질 또는 친화성-변형된 도메인을 함유하는 TIP를, CD3제타 세포내 시그널링을 포함하는 1세대 키메라 항원 수용체 (CAR)와 함께 T 세포에서 공동 발현시켰다. 1 세대 CAR은 CAR은 CD19에 특이적인 ScFv (SEQ ID NO:245), 힌지 및 CD8로부터 유래된 막관통 도메인(SEQ ID NO:246) 및 CD3제타로부터 유래한 세포내 시그널링 도메인(SEQ ID NO:247에 제시됨)을 포함한다. CD19 scFv - CD3제타 CAR을 인코딩하는 뉴클레오타이드 서열이 SEQ ID NO:248에 기재되어 있고 CD19 scFv - CD3제타 CAR의 아미노산 서열은 SEQ ID NO:479에 제시되어 있다.

[0782]

[479] CAR을 단독으로 인코딩하거나 또는 자가 절단 T2A 서열(SEQ ID NO : 250 및 SEQ ID NO: 249에 기재된 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩되는)에 의해 CAR로부터 분리된 야생형 막관통 단백질 또는 예시적인 TIP 중 하

나 역시도 인코딩하는 핵산 분자들을 생성하였다. 예시적인 구조물들은 표 15에 제시된 핵산 서열들을 함유하였다. 대조군으로서, CD28 공동자극 도메인을 부가적으로 함유하는 2세대 CAR을 인코딩하는 핵산 구조물도 만들었다(CD19 scFv - CD28 - CD3제타).

표 15: 핵산 작제물

	CAR (SEQ ID NO)	T2A 링커 (SEQ ID NO)	TIP (SEQ ID NO)
CD19 scFv - CD3제타	+ (248)	-	-
CD19 scFv - CD3제타 - T2A - B7-1	+ (248)	+ (249)	야생형 CD80 (251)
CD19 scFv - CD3제타 - T2A - B7-1 TIP	+ (248)	+ (249)	CD80 TIP (242)
CD19 scFv - CD3제타 - T2A - ICOSL	+ (248)	+ (249)	야생형 ICOSL (252)
CD19 scFv - CD3제타 - T2A - ICOSL TIP	+ (248)	+ (249)	ICOSL TIP (244)

[0783]

[0784]

[480] 3 명의 상이한 건강한 공여자로부터 수득한 인간 PBMC 샘플로부터 분리한 T 세포들을 형질도입하는데 이용되었던 렌티바이러스 벡터 내로 핵산 분자들을 개별적으로 클로닝하였다. 이들 벡터 및 렌티바이러스 패키징 구조물에 의한 HEK293 세포의 공동-형질도입 후 핵산 서열을 함유하는 렌티바이러스 입자들이 생산되었다. 렌티바이러스 입자들을 초원심분리에 의해 배양 배지로부터 수집하고 qRT-PCR에 의해 적정하였다. 밀도침강법을 이용하여 3명의 건강한 혈액 공여자로부터 인간 말초혈액 단핵구 세포들(peripheral blood mononuclear cells: PBMC)을 분리하였다. PBMC를 항-CD3 및 항-CD28 항체 및 IL-2와 함께 밤새 배양한 다음, 5:1의 감염 다중도로 렌티바이러스 제제로 형질도입하였다. 대조군인 2세대 CAR을 인코딩하는 렌티바이러스 벡터들은 한 명의 공여자로부터 세포를 형질도입하는데만 이용되었다.

[0785]

[481] 배양 2주일(14일) 후, 96 웰 마이크로 전자 플레이트 (E- 플레이트)의 배양 배지에서 임피던스 변화를 측정하여, 실시간 플롯으로 세포수 및 형태학 변화를 나타내는 AceaReal-Time Cell Analyzer (RTCA)를 사용하여 표적 항원-발현 세포와 함께 배양한 다음 세포들을 세포독성에 대해 분석하였다. CD19-발현 HeLa 표적 세포 (HeLa-CD19)를 96-웰 E-플레이트에 접종하고 각 단층의 임피던스를 RTCA 시스템을 사용하여 24 시간 동안 모니터링 하였다. 조작된 T 세포를 이펙터: 표적 비율 10 : 1로 하여 웰에 첨가하고 웰을 48 시간 더 모니터링 하였다. 측정된 전기 임피던스의 변화로부터 유도된 세포 지수(CI: Cell Index) 값으로 결과를 표시 및 기록한 다음, 모든 웰의 CI 판독 값을 개별 웰의 CI 값에 대해 동시에 나누어 비율을 변환하여 기준-시간에서의 백분율 값을 나타내는 표준화된 세포 지수 값을 얻는다(참조: "Introduction to the Data Analysis of the Roche xCELLigence®System with RTCA Package." Bioconductor. May, 3, 2016, bioconductor.org/packages/devel/bioc/vignettes/RTCA/inst/doc/aboutRTCA.pdf. Accessed September 9, 2016). 이 분석법에서, 단층의 임피던스 감소는 형질도입된 세포들에 의한 표적 세포들의 살해를 반영한다.

[0786]

[482] 이러한 결과는, 1 세대 CAR을 발현하는 세포의 임피던스 감소 정도가 2 세대 CAR을 발현하는 세포보다 작았음에도 불구하고, 비-형질도입된 T 세포에 비해 1 세대 CAR을 발현하는 세포에서 임피던스가 감소함을 나타낸 것이다. 1 세대 CAR을 발현하는 세포의 임피던스 감소는 일반적으로 분석의 최초 8 시간까지 지속되었으며, 2 세대 CAR- 발현 세포들만이 이후 임피던스를 감소시켰다.

[0787]

[483] 도 8에 도시된 바와 같이, 한 공여자에서, TIP 또는 상응하는 야생형 막관통 단백질을 1 세대 CAR과 동시 발현시키는 각 세포들은 더 큰 임피던스 감소를 나타냈는데, 이는 1 세대 CAR 만을 발현하는 세포에 비해, 세포 독성 활성이 더 크다는 것을 가리킨다. 또한, 이 결과는 비-친화성 변형된 IgSF 도메인을 함유하는 상응하는 야생형 CD80 또는 ICOSL 막관통 단백질을 공동 발현하는 CAR-발현 세포와 비교하여, CD80-TIP 또는 ICOSL-TIP를 공동 발현하는 CAR-발현 세포에서 세포 독성 활성이 더 컸음을 나타낸다. 이들 TIP-조작 세포의 관찰 결과는 CAR과 함께 CD80-TIP 또는 ICOSL-TIP를 공동 발현하는 세포에서의 세포 독성 활성이, CAR-발현 T 세포와 같은 항원-특이적 T 세포의 세포독성 면역 반응을 조절하는데 있어 증가된 활성을 나타낸다는 것을 보여주는 것이다.

[0788]

[484] 다른 두 공여자에서, CD80-TIP를 발현하는 세포들은, 대응하는 야생형 CD80 막관통 단백질을 발현하는 세포에 비해 더 큰 임피던스 감소를 나타내지 않았다. 한 공여자에서, ICOS-L TIP가 시험된 다른 구조물과 비교하여 가장 좋은 세포 독성을 나타내긴 하였으나, 이 기증자에서는 야생형 막관통 단백질 구조물을 형질도입하는데 충분한 세포가 없었다. 또 다른 공여자에서는, ICOS-L-TIP를 발현하는 세포들이, 상응하는 야생형 ICOS-L-TIP

막관통 단백질을 발현하는 세포들에 비해 더 큰 임피던스 감소를 결과시키지 않았다. 시험된 세포에서, CD80-TIP, ICOSL-TIP 또는 상응하는 야생형 막관통 단백질을 CAR과 함께 발현하는 모든 세포들은 1 세대 CAR을 발현하는 세포보다 더 큰 세포 독성 활성을 나타냈다. 공여자 사이에서 관찰된 이들 상이한 결과는 공여자들 사이의 T 세포의 차이, 세포 표면의 다양한 조작된 단백질의 발현 수준의 차이, 세포 살해를 평가하기 위한 이 예시적인 분석법에 사용된 특정 조건 (예컨대, 제14일의 형질도입된 세포 평가, 단일 이펙터:표적 세포 비율 평가) 또는 다른 인자들과 관련된 것일 수 있다.

[0789] 실시예 11

[0790] CD80 IgSF 도메인 변이체의 결합 및 활성 평가

[0791] [485] 추가의 ECD CD80 변이체를 동정하고, 실시예 5에 기술된 바와 같이 ECD-Fc 융합 단백질을 생성하는데 사용하였다. 실시예 6에 실질적으로 기재된 바와 같이 동족 결합 파트너에 대한 CD80 도메인 변이체 면역조절 단백질의 특이성 및 친화성을 평가하기 위해 결합 연구를 수행하였다. 세포-발현 카운터 구조물에 대한 결합 및 항-CD3 공동고정 분석으로부터의 생체 활성에 대한 추가적인 CD80 IgSF 도메인 변이체의 예시적인 결과가 표 16에 제시되어있다.

[0792] [486] 표 16에 나타낸 예시적인 아미노산 치환은 SEQ ID NO:28에 제시된 각각의 비변형 레퍼런스 CD80 ECD 서열에 상응하는 아미노산 위치 번호로 표시한다. 아미노산 위치는 중간에 표시되고, 이 번호 앞에는 대응하는 비변형 (예컨대 야생형) 아미노산을, 상기 번호 다음에는 동정된 변이체 아미노산 치환을 나타낸다. 컬럼 2는 각 변이체 ECD-Fc 융합 분자에 대한 변이체 ECD에 대한 SEQ ID NO 식별자를 나타낸다. 또한 동종카운터 구조 리간드를 발현하도록 조작된 세포에 대한 각 변이체 Fc-융합 분자의 결합에 대한 평균 형광강도 (MFI) 값으로서 측정된 결합 활성 및 아미노산 치환(들)을 함유하지 않는 대응하는 비변형 ECD-Fc 융합 분자의 동일한 세포-발현된 카운터 구조 리간드에 대한 결합과 비교한 MFI 비율도 나타내었다. 또한 항-CD3과 공동고정된 표시된 변이체 ECD-Fc 융합 분자를 이용하여 생성된, 배양 상등액 중 대응하는 비변형(모) ECD-Fc와 비교한 IFN-감마의 비율 및 IFN-감마의 계산된 수준 (pg/ml)에 기초하여, T 세포 활성을 조절하기 위한 변이체 Fc-융합 분자의 기능적 활성도 나타내었다. 이러한 결과는, 적어도 하나의 동족 카운터 구조 리간드에 대한 친화성-변형된 CD80 IgSF 도메인 변이체의 변경, 예컨대 증가된 결합 친화성 및/또는 개선된 면역학적 활성을 보여준다.

표 16: CTLA-4 또는 PD-L1 에 대해 선택된 CD80 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터					
CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	CD28 tfxn MFI (모 비율)	CTLA-4 tfxn MFI (모 비율)	PD-L1 tfxn MFI (모 비율)	항-CD3 IFN-감마 공동고정 분석 pg/ml (모 비율)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, K169E	446	3536 (0.08)	5731 (0.01)	173405 (0.08)	109 (0.24)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A,	447	4962 (0.11)	2027 (0.01)	626341 (0.11)	162 (0.36)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, K169E	448	3489 (0.08)	2521 (0.01)	215826 (0.08)	206 (0.46)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, T130A, K169E, M174T	449	2736 (0.06)	2493 (0.01)	157897 (0.06)	141 (0.31)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, N48D, F59L, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, H188D	450	2393 (0.05)	2663 (0.01)	137062 (0.05)	230 (0.51)
H18R, R29D, Y31L, Q33H, K36G, K37E, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, T130A, K169E, H188D	451	3023 (0.07)	2303 (0.01)	158977 (0.07)	305 (0.68)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, E143G, K169E, M174V, H188D	452	2135 (0.05)	2816 (0.01)	374117 (0.05)	291 (0.65)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, K169E	446	2157 (0.05)	2819 (0.01)	114963 (0.05)	197 (0.44)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A	447	2126 (0.05)	2377 (0.01)	530029 (0.05)	135 (0.30)
R29D, I30V, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, H188D	453	1914 (0.04)	2024 (0.01)	179536 (0.04)	127 (0.28)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, K169E	455	2377 (0.05)	2177 (0.01)	438352 (0.05)	203 (0.45)

[0793]

표 16: CTLA-4 또는 PD-L1 에 대해 선택된 CD80 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터					
CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	CD28 tfxn MFI (모 비율)	CTLA-4 tfxn MFI (모 비율)	PD-L1 tfxn MFI (모 비율)	항-CD3 IFN-감마 공동고정 분석 pg/ml (모 비율)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A	456	2106 (0.05)	2122 (0.01)	14201 (0.05)	226 (0.50)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, K169E, H188D	457	1887 (0.04)	2201 (0.01)	110092 (0.04)	231 (0.51)
R29D, I30V, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, H188D	453	2060 (0.05)	2385 (0.01)	94786 (0.05)	237 (0.53)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, F108L, I118V, T120S, T130A, K169E, H188D	458	2009 (0.04)	2623 (0.01)	110589 (0.04)	165 (0.37)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, T130A, H188D	293	1925 (0.04)	2979 (0.01)	379558 (0.04)	213 (0.47)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, T130A, N149D, K169E, H188D	459	2245 (0.05)	2842 (0.01)	631549 (0.05)	118 (0.26)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, T130A, K169E, H188D	460	2759 (0.06)	2247 (0.01)	760438 (0.06)	157 (0.35)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, C128Y, T130A, H188D	461	1585 (0.03)	2736 (0.01)	456003 (0.03)	278 (0.62)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94F, T130A, K169E	297	2633 (0.06)	3379 (0.01)	133095 (0.06)	190 (0.42)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, E99D, T130A	462	1732 (0.04)	2082 (0.01)	117465 (0.04)	174 (0.39)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, T130A, K169E	463	2011 (0.04)	2502 (0.01)	711479 (0.04)	232 (0.51)

[0794]

표 16: CTLA-4 또는 PD-L1 에 대해 선택된 CD80 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터					
CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	CD28 tfxn MFI (모 비율)	CTLA-4 tfxn MFI (모 비율)	PD-L1 tfxn MFI (모 비율)	항-CD3 IFN-감마 공동고정 분석 pg/ml (모 비율)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93I, R94L, L97R, T130A	300	2026 (0.04)	2443 (0.01)	572017 (0.04)	202 (0.45)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93I, R94L, L97R, T130A, L148S	301	1296 (0.03)	2119 (0.01)	777509 (0.03)	101 (0.22)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, K169E	302	1188 (0.03)	2161 (0.01)	190176 (0.03)	97 (0.22)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, I61N, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94F, V104A, I118V, T120S, I126V, T130A	464	1203 (0.03)	1863 (0.01)	217243 (0.03)	288 (0.64)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94F, I118V, T120S, T130A	465	1289 (0.03)	2625 (0.01)	124188 (0.03)	111 (0.25)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, T62S, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, T130A, K169E, T175A	466	1228 (0.03)	1973 (0.01)	145285 (0.03)	114 (0.25)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, F116S, T130A, H188D	306	1244 (0.03)	2091 (0.01)	109646 (0.03)	114 (0.25)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, L142S, H188D	467	1221 (0.03)	2251 (0.01)	89654 (0.03)	143 (0.32)
C16S, H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, T110A, I118V, H188D	468	1212 (0.03)	1800 (0.01)	4497 (0.03)	247 (0.55)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, A91G, I118V, T120S, I127T, T130A, H188D	469	2620 (0.06)	2241 (0.01)	66183 (0.06)	125 (0.28)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, L70Q, D76G, A91G, S103L, I118V, T120S, I127T, T130A	470	1907 (0.04)	1726 (0.01)	3508 (0.04)	224 (0.50)
Y53C, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, K169E	471	1396 (0.03)	1459 (0.01)	2552 (0.03)	75 (0.17)

[0795]

표 16: CTLA-4 또는 PD-L1 에 대해 선택된 CD80 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터					
CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	CD28 tfxn MFI (모 비율)	CTLA-4 tfxn MFI (모 비율)	PD-L1 tfxn MFI (모 비율)	항-CD3 IFN-감마 공동고정 분석 pg/ml (모 비율)
T62S, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, T130A, K169E	472	2947 (0.06)	2377 (0.01)	179622 (0.06)	107 (0.24)
L70Q, A91G, I118V, T120S, T130A, K169E	417	12262 (0.27)	90597 (0.01)	4168 (0.27)	115 (0.25)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, S129L, H188D	313	1696 (0.04)	9960 (0.01)	4067 (0.04)	87 (0.19)
Y53C/L70Q/D90G/T130A/N149D/N152T/H188D	473	1990 (0.04)	3106 (0.01)	3289 (0.04)	122 (0.27)
WT CD80	28	45607 (1.00)	883950 (1.00)	93079 (1.00)	451 (1.00)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118V, T120S, I127T, T130A, H188D	474	16232 (0.26)	140241 (0.88)	182403 (2.61)	108 (0.96)
K89E, T130A	73	46923 (0.75)	225651 (1.41)	196544 (2.82)	317 (2.81)
K89E, K93E, T130A	316	39137 (0.63)	181037 (1.13)	206713 (2.96)	571 (5.06)
K89E, T130A	73	61349 (0.99)	156244 (0.98)	126961 (1.82)	2539 (22.53)
WT CD80	28	62220 (1.00)	160148 (1.00)	69786 (1.00)	113 (1.00)
S21P, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, N48I, V68A, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, P109H, I126L, K169I	317	4467 (0.20)	4434 (0.02)	146638 (5.87)	137 (0.65)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, P74L, Y80N, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, L97R	318	4523 (0.21)	4565 (0.02)	4731 (0.19)	18 (0.09)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, S21P, P74L, Y80N, D90N, T130A, N149S, E162G	319	4675 (0.21)	4686 (0.02)	4098 (0.16)	54 (0.26)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, H18L, V68M, T130A	320	4413 (0.20)	4618 (0.02)	221788 (8.88)	51 (0.24)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, V68M, T130A, N149S, R190S	321	4354 (0.20)	4413 (0.02)	201513 (8.06)	80 (0.38)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L,	322	4381 (0.20)	4491 (0.02)	5075 (0.20)	8 (0.04)

[0796]

표 16: CTLA-4 또는 PD-L1 에 대해 선택된 CD80 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터					
CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	CD28 tfxn MFI (모 비율)	CTLA-4 tfxn MFI (모 비율)	PD-L1 tfxn MFI (모 비율)	항-CD3 IFN-감마 공동고정 분석 pg/ml (모 비율)
H18L, P74L, Y80N, T130A, R190S					
C16G, V22A, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, V68M, D76G, I118T, T130A, S140T, N149S, K169I, H178R, N192D	323	4459 (0.20)	4582 (0.02)	4383 (0.18)	45 (0.21)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94F, E117V, I118T, N149S, S168G, H188Q	324	4371 (0.20)	4613 (0.02)	247135 (9.89)	61 (0.29)
V22A, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, V68M, T130A	325	4222 (0.19)	4381 (0.022)	235307 (9.42)	96 (0.46)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94F, N64S, I118T, T130A, N149S, K169I	326	4216 (0.19)	4305 (0.022)	149085 (5.97)	30 (0.14)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, V22A, V68M, D115G, I118T, T130A, G133D, N149S	327	4361 (0.20)	4459 (0.022)	95558 (3.82)	88 (0.42)
S129P	328	4458 (0.20)	5914 (0.03)	6669 (0.27)	0 (0.0)
A91G, S129P	329	5144 (0.23)	26635 (0.12)	13569 (0.54)	0 (0.0)
I69T, L70Q, A91G, T120S	330	74296 (3.37)	203363 (0.89)	6242 (0.25)	509 (2.42)
S129P	328	5086 (0.23)	8957 (0.04)	6603 (0.26)	125 (0.60)
Y31H, S129P	331	4553 (0.21)	4874 (0.02)	5788 (0.23)	76 (0.36)
WT CD80	28	22053 (1.00)	227691 (1.00)	24989 (1.00)	211 (1.00)
T28A, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, V104L, T130A, N149S	332	2636 (0.17)	2169 (0.03)	99658 (9.45)	116 (0.62)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, L97R, N149S, H188Q	333	2680 (0.17)	2165 (0.03)	107747 (10.22)	125 (0.68)
H18L, R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, L97R, T130A, N149S	475	2482 (0.16)	2179 (0.03)	100116 (9.50)	96 (0.52)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R,	335	2455 (0.15)	2084 (0.03)	11855 (1.12)	

[0797]

표 16: CTLA-4 또는 PD-L1 에 대해 선택된 CD80 변이체. 분자 서열, 결합 데이터, 및 공동자극 생체 활성 데이터					
CD80 돌연변이(들)	SEQ ID NO (ECD)	CD28 tfxn MFI (모 비율)	CTLA-4 tfxn MFI (모 비율)	PD-L1 tfxn MFI (모 비율)	항-CD3 IFN-감마 공동고정 분석 pg/ml (모 비율)
K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, H18L, V68A, T130A, N149S, T154I					132 (0.71)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, A12G, V68A, L97R, T130A, L183H	336	2804 (0.18)	2310 (0.03)	216297 (20.51)	191 (1.03)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118T, T130A, S140T, N149S, K169S	337	2460 (0.15)	2188 (0.03)	109263 (10.36)	150 (0.81)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118T, T130A, N149S, K169I, Q193L	338	2569 (0.16)	2198 (0.03)	100074 (9.49)	130 (0.70)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, V22A, I118T, T130A, N149S	339	2500 (0.16)	2188 (0.03)	147900 (14.03)	124 (0.67)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118T, T130A, N149S	340	2615 (0.16)	2210 (0.03)	118150 (11.21)	89 (0.48)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94L, I118T, T130A, N149S, K169I	341	2444 (0.15)	2246 (0.03)	115420 (10.95)	101 (0.55)
R29D, Y31L, Q33H, K36G, M38I, T41A, M43R, M47T, E81V, L85R, K89N, A91T, F92P, K93V, R94F, T130A, N149S, K169I	342	2378 (0.15)	2123 (0.03)	112712 (10.69)	114 (0.61)
I118T, C128R	343	3093 (0.19)	3180 (0.03)	2620 (0.25)	122 (0.66)
Q27R, R29C, M42T, S129P, E160G	344	2827 (0.18)	2623 (0.03)	2326 (0.22)	139 (0.75)
S129P, T154A	345	3062 (0.19)	2622 (0.03)	2606 (0.25)	156 (0.84)
WT CD80	28	15948 (1.00)	75099 (1.00)	10544 (1.00)	185 (1.00)

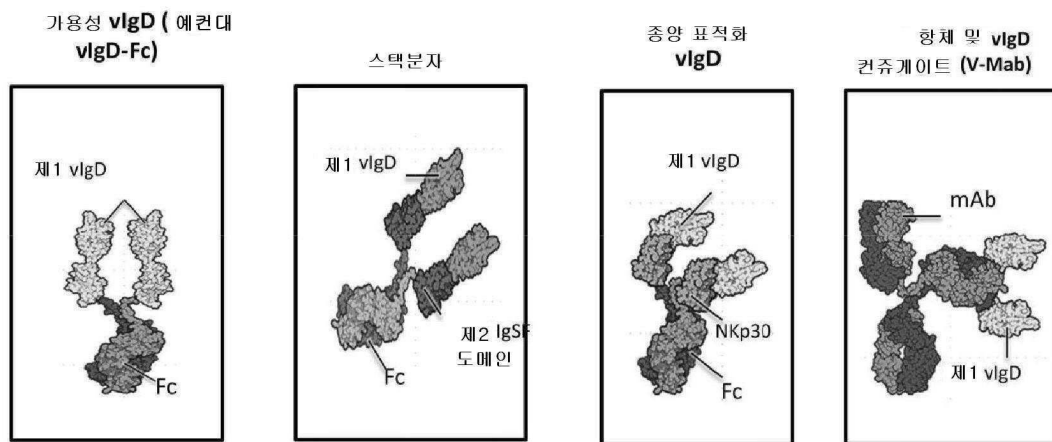
[0798]

[0799]

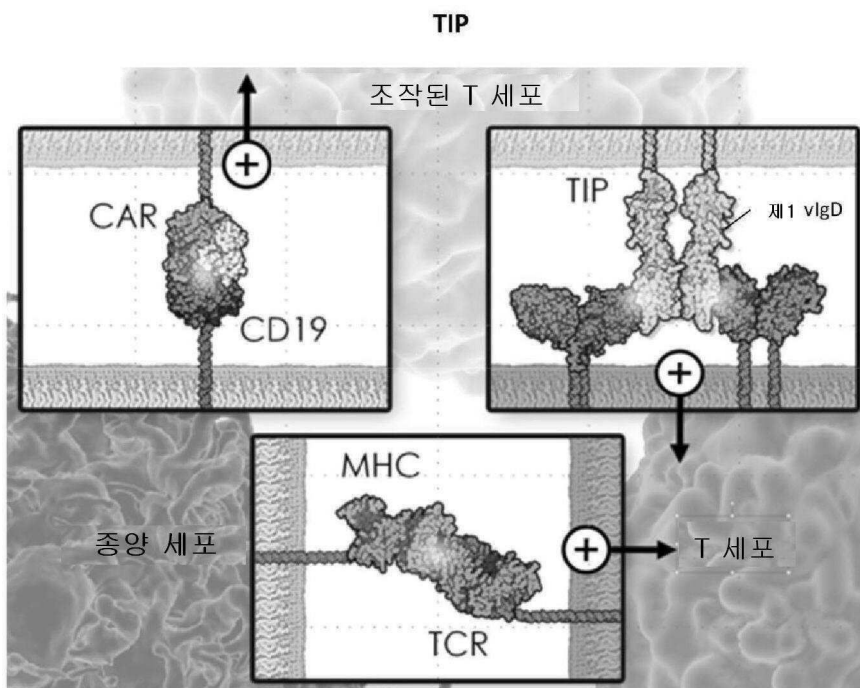
[487] 본 발명은 예를 들어 본 발명의 다양한 측면을 설명하기 위해 제공된, 특정 개시된 구체예들로 그 범위가 한정되는 것으로 의도되지 않는다. 설명된 조성물과 방법에 대한 다양한 변형이 가능하다는 것은 본 명세서의 설명과 교시 내용으로부터 자명하다. 이러한 변형은 본 발명의 진정한 범위와 정신을 벗어나지 않고 실시될 수 있으며 본 명세서의 개시 범위 내에 포함되는 것으로 의도된다.

도면

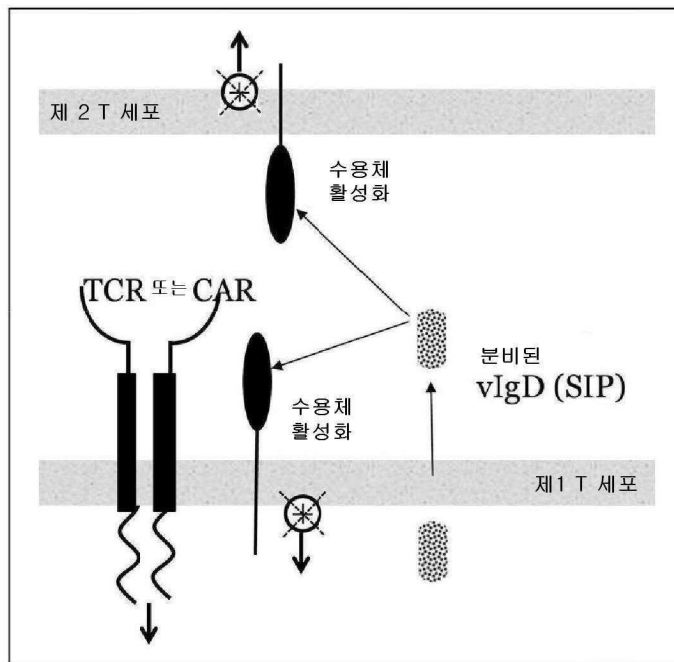
도면1a



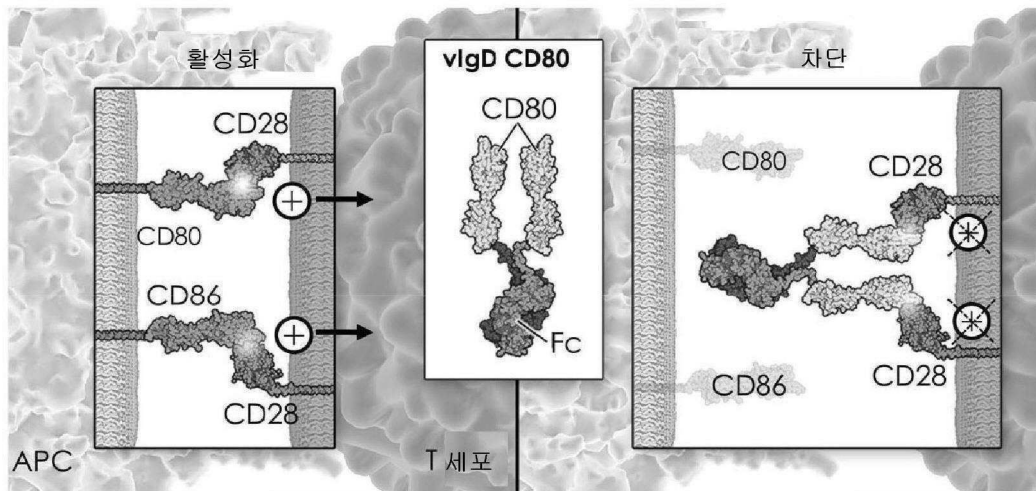
도면1b



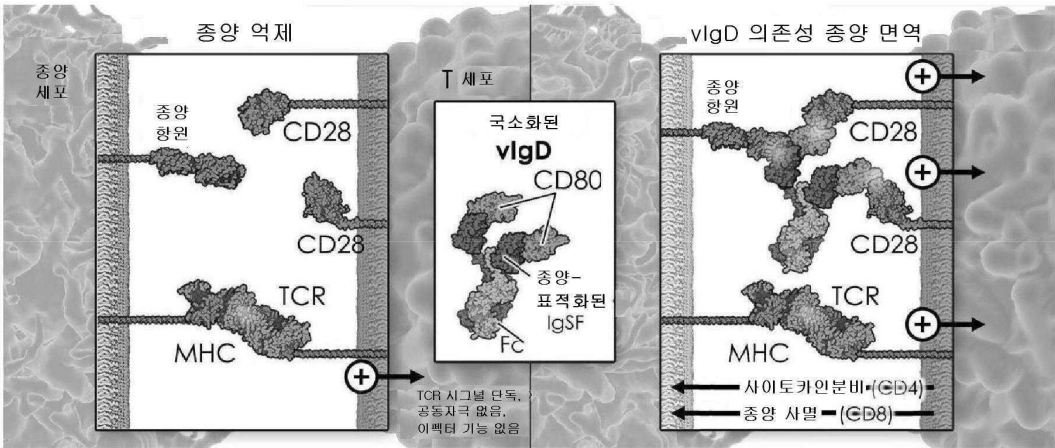
도면1c



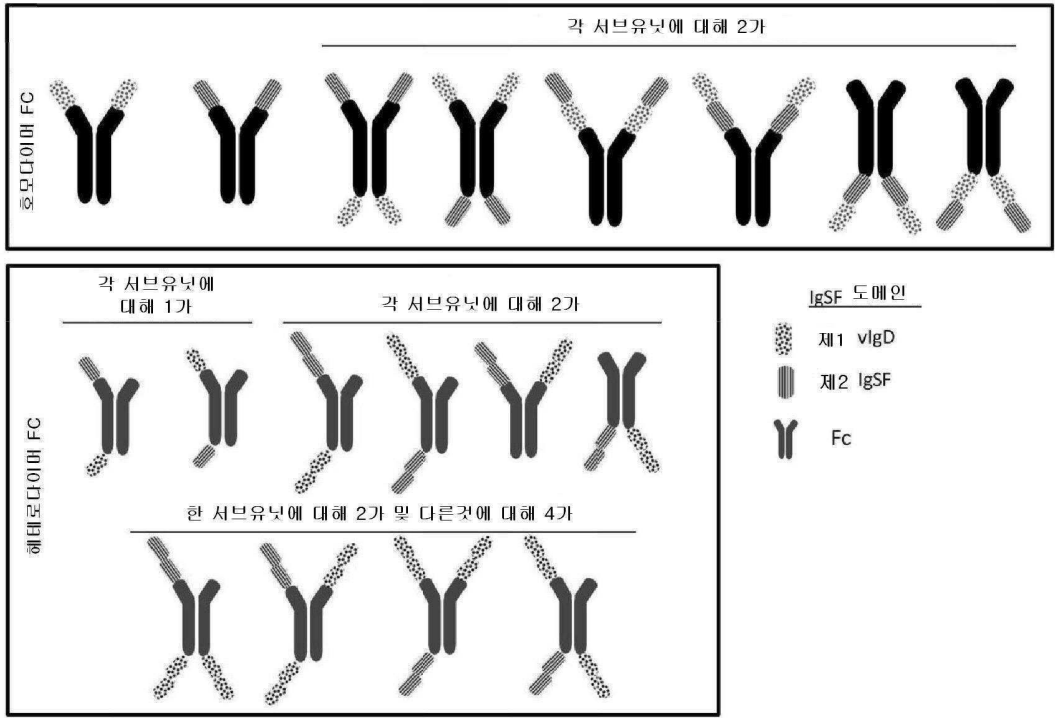
도면2



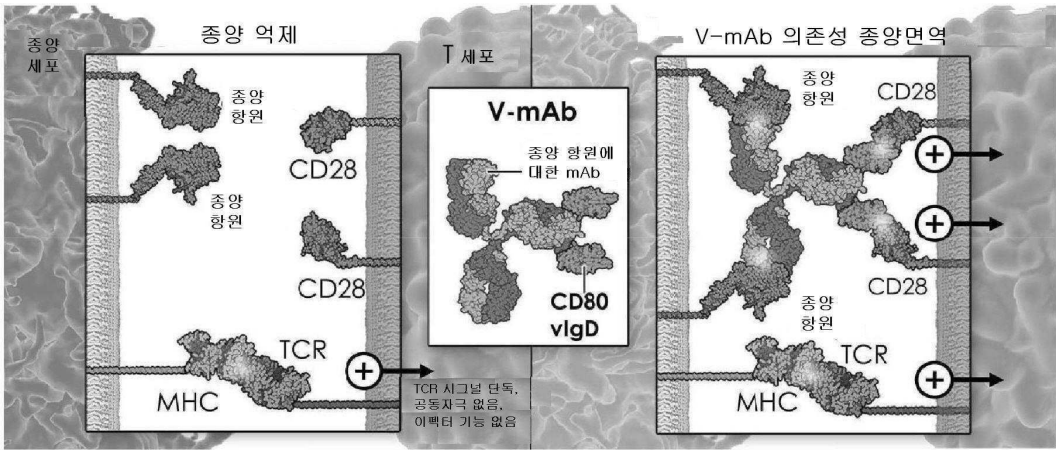
도면3



도면4



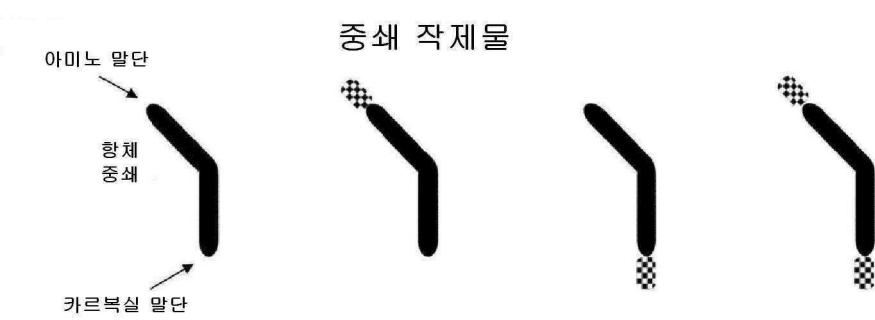
도면5



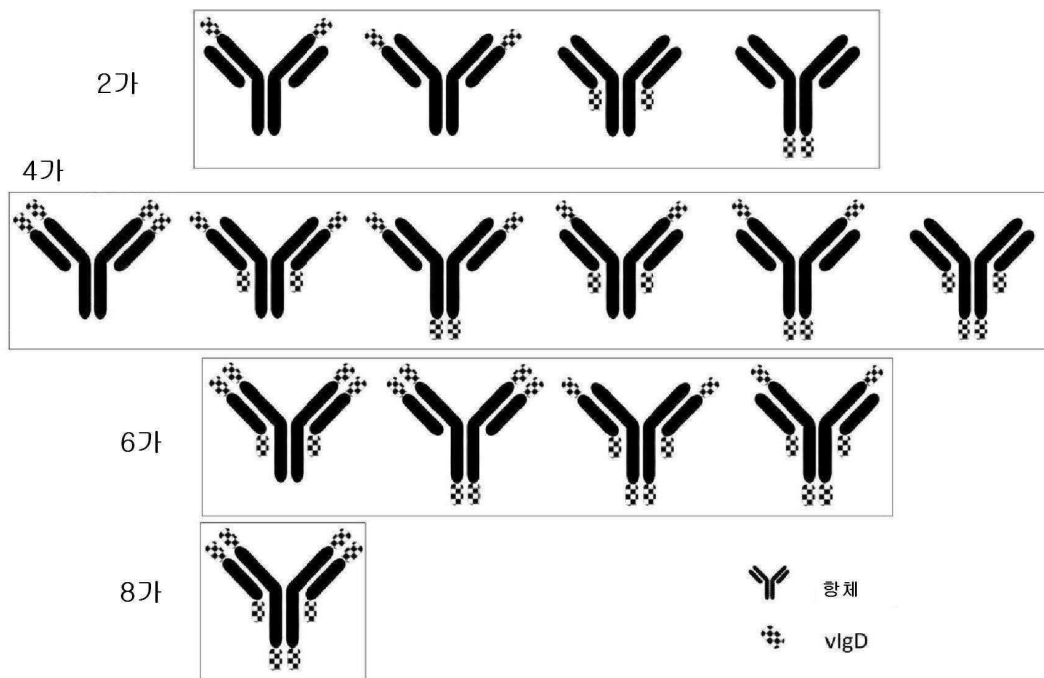
도면6a



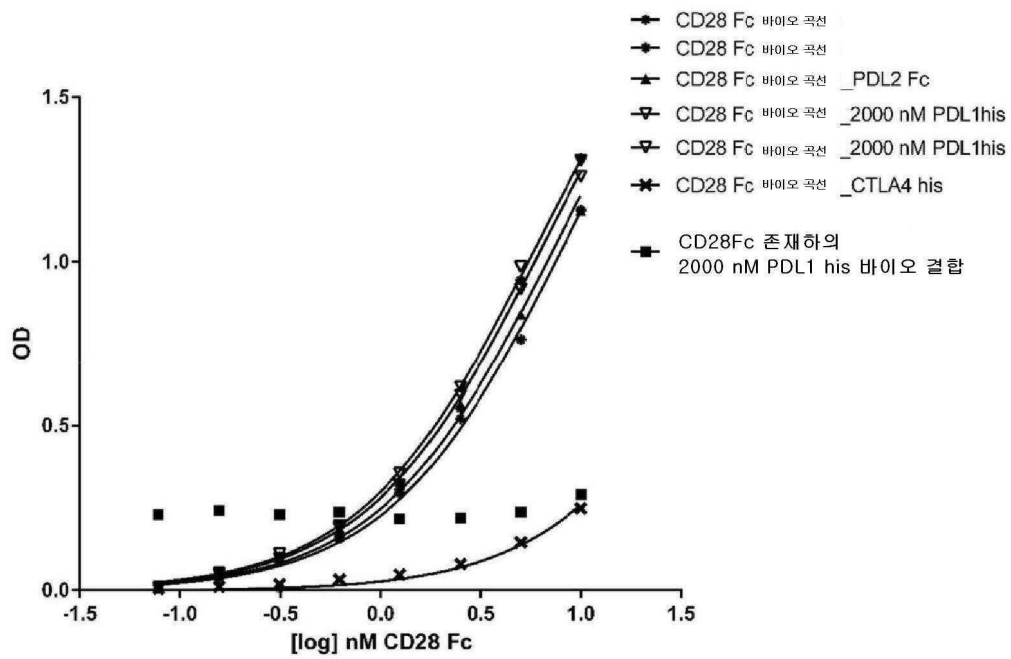
도면6b



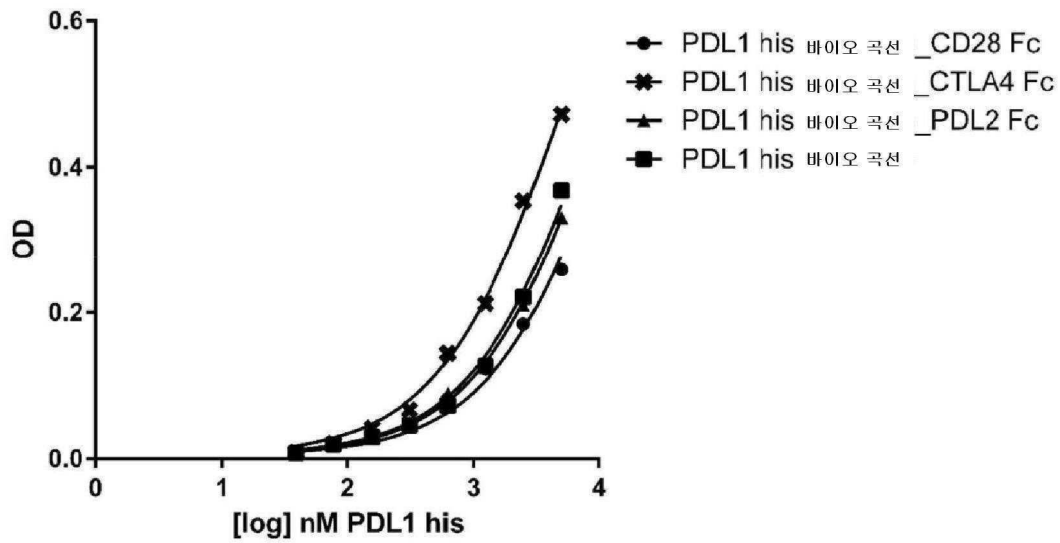
도면6c



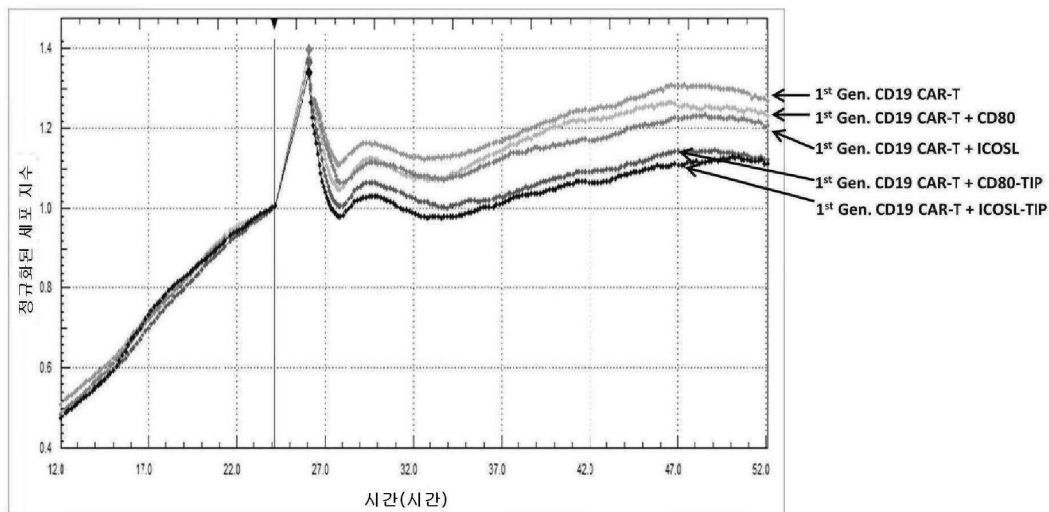
도면7a



도면7b



도면8



서열목록

SEQUENCE LISTING

<110> Alpine Immune Sciences, Inc.

SWANSON, Ryan

KORNACKER, Michael

<120> CD80 Variant Immunomodulatory Proteins and Uses Thereof

<130> 761612000440

<140> Not Yet Assigned

<141> Concurrently Herewith

<150> 62/323,595

<151> 2016-04-15
 <150> 62/394,743
 <151> 2016-09-14
 <150> 62/410,844
 <151> 2016-10-20
 <150> 62/472,570
 <151> 2017-03-16
 <150> 62/475,201
 <151> 2017-03-22
 <160> 478
 <170> PatentIn version 3.5
 <210> 1

<211> 288
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> CD80(B7-1)
 <400> 1

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

 50 55 60
 Tyr Trp Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Met Asn Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr
 85 90 95
 Asn Asn Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly
 100 105 110

Thr Tyr Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg

115 120 125

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

130 135 140

Pro Ser Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile

145 150 155 160

Ile Cys Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu

165 170 175

Glu Asn Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp

180 185 190

Pro Glu Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met

195 200 205

Thr Thr Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg

210 215 220

Val Asn Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro

225 230 235 240

Asp Asn Leu Leu Pro Ser Trp Ala Ile Thr Leu Ile Ser Val Asn Gly

245 250 255

Ile Phe Val Ile Cys Cys Leu Thr Tyr Cys Phe Ala Pro Arg Cys Arg

260 265 270

Glu Arg Arg Arg Asn Glu Arg Leu Arg Arg Glu Ser Val Arg Pro Val

275 280 285

<210> 2

<211> 329

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD86(B7-2)

<400> 2

Met Asp Pro Gln Cys Thr Met Gly Leu Ser Asn Ile Leu Phe Val Met

1 5 10 15

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

260 265 270
 Lys Lys Arg Pro Arg Asn Ser Tyr Lys Cys Gly Thr Asn Thr Met Glu
 275 280 285
 Arg Glu Glu Ser Glu Gln Thr Lys Lys Arg Glu Lys Ile His Ile Pro
 290 295 300
 Glu Arg Ser Asp Glu Ala Gln Arg Val Phe Lys Ser Ser Lys Thr Ser
 305 310 315 320
 Ser Cys Asp Lys Ser Asp Thr Cys Phe
 325

<210> 3

<211> 290

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD274 (PD-L1, B7-H1)

<400> 3

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

Asp Leu Ala Ala Leu Ile Val Tyr Trp Glu Met Glu Asp Lys Asn Ile
 50 55 60
 Ile Gln Phe Val His Gly Glu Glu Asp Leu Lys Val Gln His Ser Ser
 65 70 75 80
 Tyr Arg Gln Arg Ala Arg Leu Leu Lys Asp Gln Leu Ser Leu Gly Asn
 85 90 95
 Ala Ala Leu Gln Ile Thr Asp Val Lys Leu Gln Asp Ala Gly Val Tyr
 100 105 110

Arg Cys Met Ile Ser Tyr Gly Gly Ala Asp Tyr Lys Arg Ile Thr Val
 115 120 125

Lys Val Asn Ala Pro Tyr Asn Lys Ile Asn Gln Arg Ile Leu Val Val
 130 135 140
 Asp Pro Val Thr Ser Glu His Glu Leu Thr Cys Gln Ala Glu Gly Tyr
 145 150 155 160
 Pro Lys Ala Glu Val Ile Trp Thr Ser Ser Asp His Gln Val Leu Ser
 165 170 175

 Gly Lys Thr Thr Thr Thr Asn Ser Lys Arg Glu Glu Lys Leu Phe Asn
 180 185 190
 Val Thr Ser Thr Leu Arg Ile Asn Thr Thr Thr Asn Glu Ile Phe Tyr
 195 200 205
 Cys Thr Phe Arg Arg Leu Asp Pro Glu Glu Asn His Thr Ala Glu Leu
 210 215 220
 Val Ile Pro Glu Leu Pro Leu Ala His Pro Pro Asn Glu Arg Thr His
 225 230 235 240

 Leu Val Ile Leu Gly Ala Ile Leu Leu Cys Leu Gly Val Ala Leu Thr
 245 250 255
 Phe Ile Phe Arg Leu Arg Lys Gly Arg Met Met Asp Val Lys Lys Cys
 260 265 270
 Gly Ile Gln Asp Thr Asn Ser Lys Lys Gln Ser Asp Thr His Leu Glu
 275 280 285
 Glu Thr
 290
 <210> 4
 <211> 273
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> PDCD1LG2(PD-L2, CD273)

 <400> 4
 Met Ile Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Leu Glu Leu Gln Leu His Gln
 1 5 10 15
 Ile Ala Ala Leu Phe Thr Val Thr Val Pro Lys Glu Leu Tyr Ile Ile

20	25	30
Glu His Gly Ser Asn Val Thr Leu Glu Cys Asn Phe Asp Thr Gly Ser		
35	40	45
His Val Asn Leu Gly Ala Ile Thr Ala Ser Leu Gln Lys Val Glu Asn		
50	55	60
Asp Thr Ser Pro His Arg Glu Arg Ala Thr Leu Leu Glu Glu Gln Leu		
65	70	75
Pro Leu Gly Lys Ala Ser Phe His Ile Pro Gln Val Gln Val Arg Asp		
85	90	95
Glu Gly Gln Tyr Gln Cys Ile Ile Ile Tyr Gly Val Ala Trp Asp Tyr		
100	105	110
Lys Tyr Leu Thr Leu Lys Val Lys Ala Ser Tyr Arg Lys Ile Asn Thr		
115	120	125
His Ile Leu Lys Val Pro Glu Thr Asp Glu Val Glu Leu Thr Cys Gln		
130	135	140
Ala Thr Gly Tyr Pro Leu Ala Glu Val Ser Trp Pro Asn Val Ser Val		
145	150	155
Pro Ala Asn Thr Ser His Ser Arg Thr Pro Glu Gly Leu Tyr Gln Val		
165	170	175
Thr Ser Val Leu Arg Leu Lys Pro Pro Pro Gly Arg Asn Phe Ser Cys		
180	185	190
Val Phe Trp Asn Thr His Val Arg Glu Leu Thr Leu Ala Ser Ile Asp		
195	200	205
Leu Gln Ser Gln Met Glu Pro Arg Thr His Pro Thr Trp Leu Leu His		
210	215	220
Ile Phe Ile Pro Phe Cys Ile Ile Ala Phe Ile Phe Ile Ala Thr Val		
225	230	235
Ile Ala Leu Arg Lys Gln Leu Cys Gln Lys Leu Tyr Ser Ser Lys Asp		
245	250	255
Thr Thr Lys Arg Pro Val Thr Thr Thr Lys Arg Glu Val Asn Ser Ala		
260	265	270

Ile

<210> 5

<211> 302

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> ICOSLG(B7RP1, CD275, ICOSL, B7-H2)

<400> 5

Met Arg Leu Gly Ser Pro Gly Leu Leu Phe Leu Leu Phe Ser Ser Leu

1 5 10 15

Arg Ala Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp

20 25 30

Val Glu Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn

35 40 45

Asp Val Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr

50 55 60

Tyr His Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr

65 70 75 80

Arg Asn Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe

85 90 95

Ser Leu Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His

100 105 110

Cys Leu Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val

115 120 125

Glu Val Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser

130 135 140

Ala Pro His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser

145 150 155 160

Ile Asn Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp

165 170 175

Asn Ser Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn

180 185 190
Met Arg Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr
195 200 205
Pro Ser Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln
210 215 220

Asn Leu Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp
225 230 235 240
Lys Ile Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
245 250 255
Trp Ser Ile Leu Ala Val Leu Cys Leu Leu Val Val Val Ala Val Ala
260 265 270
Ile Gly Trp Val Cys Arg Asp Arg Cys Leu Gln His Ser Tyr Ala Gly
275 280 285

Ala Trp Ala Val Ser Pro Glu Thr Glu Leu Thr Gly His Val
290 295 300

<210> 6

<211> 534

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD276(B7-H3)

<400> 6

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

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

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

325 330 335
Ser Phe Thr Cys Phe Val Ser Ile Arg Asp Phe Gly Ser Ala Ala Val
340 345 350
Ser Leu Gln Val Ala Ala Pro Tyr Ser Lys Pro Ser Met Thr Leu Glu

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

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

485 490 495
Glu Glu Glu Asn Ala Gly Ala Glu Asp Gln Asp Gly Glu Gly Glu Gly
500 505 510
Ser Lys Thr Ala Leu Gln Pro Leu Lys His Ser Asp Ser Lys Glu Asp
515 520 525
Asp Gly Gln Glu Ile Ala

530

<210> 7

<211> 282

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> VTCN1(B7-H4)

<400> 7

Met Ala Ser Leu Gly Gln Ile Leu Phe Trp Ser Ile Ile Ser Ile Ile

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

65 70 75 80
His Glu Phe Lys Glu Gly Lys Asp Glu Leu Ser Glu Gln Asp Glu Met
85 90 95
Phe Arg Gly Arg Thr Ala Val Phe Ala Asp Gln Val Ile Val Gly Asn
100 105 110
Ala Ser Leu Arg Leu Lys Asn Val Gln Leu Thr Asp Ala Gly Thr Tyr
115 120 125
Lys Cys Tyr Ile Ile Thr Ser Lys Gly Lys Gly Asn Ala Asn Leu Glu

130 135 140
Tyr Lys Thr Gly Ala Phe Ser Met Pro Glu Val Asn Val Asp Tyr Asn
145 150 155 160
Ala Ser Ser Glu Thr Leu Arg Cys Glu Ala Pro Arg Trp Phe Pro Gln
165 170 175
Pro Thr Val Val Trp Ala Ser Gln Val Asp Gln Gly Ala Asn Phe Ser
180 185 190
Glu Val Ser Asn Thr Ser Phe Glu Leu Asn Ser Glu Asn Val Thr Met

195 200 205
Lys Val Val Ser Val Leu Tyr Asn Val Thr Ile Asn Asn Thr Tyr Ser
210 215 220
Cys Met Ile Glu Asn Asp Ile Ala Lys Ala Thr Gly Asp Ile Lys Val

225 230 235 240
 Thr Glu Ser Glu Ile Lys Arg Arg Ser His Leu Gln Leu Leu Asn Ser
 245 250 255
 Lys Ala Ser Leu Cys Val Ser Ser Phe Phe Ala Ile Ser Trp Ala Leu

 260 265 270
 Leu Pro Leu Ser Pro Tyr Leu Met Leu Lys

 275 280

<210> 8

<211> 220

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD28

<400> 8

Met Leu Arg Leu Leu Leu Ala Leu Asn Leu Phe Pro Ser Ile Gln Val

1 5 10 15

Thr Gly Asn Lys Ile Leu Val Lys Gln Ser Pro Met Leu Val Ala Tyr

20 25 30

Asp Asn Ala Val Asn Leu Ser Cys Lys Tyr Ser Tyr Asn Leu Phe Ser

35 40 45

Arg Glu Phe Arg Ala Ser Leu His Lys Gly Leu Asp Ser Ala Val Glu

50 55 60

Val Cys Val Val Tyr Gly Asn Tyr Ser Gln Gln Leu Gln Val Tyr Ser

65 70 75 80

Lys Thr Gly Phe Asn Cys Asp Gly Lys Leu Gly Asn Glu Ser Val Thr

85 90 95

Phe Tyr Leu Gln Asn Leu Tyr Val Asn Gln Thr Asp Ile Tyr Phe Cys

100 105 110

Lys Ile Glu Val Met Tyr Pro Pro Pro Tyr Leu Asp Asn Glu Lys Ser

115 120 125

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

130 135 140

Leu Phe Pro Gly Pro Ser Lys Pro Phe Trp Val Leu Val Val Val Gly
145 150 155 160

Gly Val Leu Ala Cys Tyr Ser Leu Leu Val Thr Val Ala Phe Ile Ile
165 170 175

Phe Trp Val Arg Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met
180 185 190

Asn Met Thr Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro
195 200 205

Tyr Ala Pro Pro Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser
210 215 220

<210> 9

<211

> 223

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CTLA4

<400> 9

Met Ala Cys Leu Gly Phe Gln Arg His Lys Ala Gln Leu Asn Leu Ala
1 5 10 15

Thr Arg Thr Trp Pro Cys Thr Leu Leu Phe Phe Leu Leu Phe Ile Pro
20 25 30

Val Phe Cys Lys Ala Met His Val Ala Gln Pro Ala Val Val Leu Ala
35 40 45

Ser Ser Arg Gly Ile Ala Ser Phe Val Cys Glu Tyr Ala Ser Pro Gly
50 55 60

Lys Ala Thr Glu Val Arg Val Thr Val Leu Arg Gln Ala Asp Ser Gln
65 70 75 80

Val Thr Glu Val Cys Ala Ala Thr Tyr Met Met Gly Asn Glu Leu Thr
85 90 95

Phe Leu Asp Asp Ser Ile Cys Thr Gly Thr Ser Ser Gly Asn Gln Val
100 105 110

Asn Leu Thr Ile Gln Gly Leu Arg Ala Met Asp Thr Gly Leu Tyr Ile

115 120 125
Cys Lys Val Glu Leu Met Tyr Pro Pro Pro Tyr Tyr Leu Gly Ile Gly

130 135 140
Asn Gly Thr Gln Ile Tyr Val Ile Asp Pro Glu Pro Cys Pro Asp Ser

145 150 155 160
Asp Phe Leu Leu Trp Ile Leu Ala Ala Val Ser Ser Gly Leu Phe Phe

165 170 175
Tyr Ser Phe Leu Leu Thr Ala Val Ser Leu Ser Lys Met Leu Lys Lys

180 185 190
Arg Ser Pro Leu Thr Thr Gly Val Tyr Val Lys Met Pro Pro Thr Glu

195 200 205
Pro Glu Cys Glu Lys Gln Phe Gln Pro Tyr Phe Ile Pro Ile Asn

210 215 220

<210> 10

<211> 288

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> PDCD1(PD-1)

<400> 10

Met Gln Ile Pro Gln Ala Pro Trp Pro Val Val Trp Ala Val Leu Gln
1 5 10 15

Leu Gly Trp Arg Pro Gly Trp Phe Leu Asp Ser Pro Asp Arg Pro Trp
20 25 30

Asn Pro Pro Thr Phe Ser Pro Ala Leu Leu Val Val Thr Glu Gly Asp
35 40 45

Asn Ala Thr Phe Thr Cys Ser Phe Ser Asn Thr Ser Glu Ser Phe Val
50 55 60

Leu Asn Trp Tyr Arg Met Ser Pro Ser Asn Gln Thr Asp Lys Leu Ala
65 70 75 80

Ala Phe Pro Glu Asp Arg Ser Gln Pro Gly Gln Asp Cys Arg Phe Arg
85 90 95
Val Thr Gln Leu Pro Asn Gly Arg Asp Phe His Met Ser Val Val Arg
100 105 110
Ala Arg Arg Asn Asp Ser Gly Thr Tyr Leu Cys Gly Ala Ile Ser Leu
115 120 125
Ala Pro Lys Ala Gln Ile Lys Glu Ser Leu Arg Ala Glu Leu Arg Val
130 135 140

Thr Glu Arg Arg Ala Glu Val Pro Thr Ala His Pro Ser Pro Ser Pro
145 150 155 160
Arg Pro Ala Gly Gln Phe Gln Thr Leu Val Val Gly Val Val Gly Gly
165 170 175
Leu Leu Gly Ser Leu Val Leu Leu Val Trp Val Leu Ala Val Ile Cys
180 185 190
Ser Arg Ala Ala Arg Gly Thr Ile Gly Ala Arg Arg Thr Gly Gln Pro
195 200 205

Leu Lys Glu Asp Pro Ser Ala Val Pro Val Phe Ser Val Asp Tyr Gly
210 215 220
Glu Leu Asp Phe Gln Trp Arg Glu Lys Thr Pro Glu Pro Pro Val Pro
225 230 235 240
Cys Val Pro Glu Gln Thr Glu Tyr Ala Thr Ile Val Phe Pro Ser Gly
245 250 255
Met Gly Thr Ser Ser Pro Ala Arg Arg Gly Ser Ala Asp Gly Pro Arg
260 265 270

Ser Ala Gln Pro Leu Arg Pro Glu Asp Gly His Cys Ser Trp Pro Leu
275 280 285

<210> 11

<211> 199

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> ICOS

<400> 11

Met Lys Ser Gly Leu Trp Tyr Phe Phe Leu Phe Cys Leu Arg Ile Lys

1 5 10 15

Val Leu Thr Gly Glu Ile Asn Gly Ser Ala Asn Tyr Glu Met Phe Ile

20 25 30

Phe His Asn Gly Gly Val Gln Ile Leu Cys Lys Tyr Pro Asp Ile Val

35 40 45

Gln Gln Phe Lys Met Gln Leu Leu Lys Gly Gly Gln Ile Leu Cys Asp

50 55 60

Leu Thr Lys Thr Lys Gly Ser Gly Asn Thr Val Ser Ile Lys Ser Leu

65 70 75 80

Lys Phe Cys His Ser Gln Leu Ser Asn Asn Ser Val Ser Phe Phe Leu

85 90 95

Tyr Asn Leu Asp His Ser His Ala Asn Tyr Tyr Phe Cys Asn Leu Ser

100 105 110

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

115 120 125

His Ile Tyr Glu Ser Gln Leu Cys Cys Gln Leu Lys Phe Trp Leu Pro

130 135 140

Ile Gly Cys Ala Ala Phe Val Val Val Cys Ile Leu Gly Cys Ile Leu

145 150 155 160

Ile Cys Trp Leu Thr Lys Lys Lys Tyr Ser Ser Ser Val His Asp Pro

165 170 175

Asn Gly Glu Tyr Met Phe Met Arg Ala Val Asn Thr Ala Lys Lys Ser

180 185 190

Arg Leu Thr Asp Val Thr Leu

195

<210> 12

<211> 289

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> BTLA(CD272)

<400> 12

Met Lys Thr Leu Pro Ala Met Leu Gly Thr Gly Lys Leu Phe Trp Val
1 5 10 15

Phe Phe Leu Ile Pro Tyr Leu Asp Ile Trp Asn Ile His Gly Lys Glu
20 25 30

Ser Cys Asp Val Gln Leu Tyr Ile Lys Arg Gln Ser Glu His Ser Ile
35 40 45

Leu Ala Gly Asp Pro Phe Glu Leu Glu Cys Pro Val Lys Tyr Cys Ala
50 55 60

Asn Arg Pro His Val Thr Trp Cys Lys Leu Asn Gly Thr Thr Cys Val
65 70 75 80

Lys Leu Glu Asp Arg Gln Thr Ser Trp Lys Glu Glu Lys Asn Ile Ser
85 90 95

Phe Phe Ile Leu His Phe Glu Pro Val Leu Pro Asn Asp Asn Gly Ser
100 105 110

Tyr Arg Cys Ser Ala Asn Phe Gln Ser Asn Leu Ile Glu Ser His Ser
115 120 125

Thr Thr Leu Tyr Val Thr Asp Val Lys Ser Ala Ser Glu Arg Pro Ser
130 135 140

Lys Asp Glu Met Ala Ser Arg Pro Trp Leu Leu Tyr Arg Leu Leu Pro
145 150 155 160

Leu Gly Gly Leu Pro Leu Leu Ile Thr Thr Cys Phe Cys Leu Phe Cys
165 170 175

Cys Leu Arg Arg His Gln Gly Lys Gln Asn Glu Leu Ser Asp Thr Ala
180 185 190

Gly Arg Glu Ile Asn Leu Val Asp Ala His Leu Lys Ser Glu Gln Thr
195 200 205

Glu Ala Ser Thr Arg Gln Asn Ser Gln Val Leu Leu Ser Glu Thr Gly
210 215 220

Ile Tyr Asp Asn Asp Pro Asp Leu Cys Phe Arg Met Gln Glu Gly Ser

225 230 235 240
 Glu Val Tyr Ser Asn Pro Cys Leu Glu Glu Asn Lys Pro Gly Ile Val
 245 250 255
 Tyr Ala Ser Leu Asn His Ser Val Ile Gly Pro Asn Ser Arg Leu Ala
 260 265 270

Arg Asn Val Lys Glu Ala Pro Thr Glu Tyr Ala Ser Ile Cys Val Arg
 275 280 285
 Ser

<210> 13
 <211> 458
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> CD4
 <400> 13

Met Asn Arg Gly Val Pro Phe Arg His Leu Leu Leu Val Leu Gln Leu
 1 5 10 15
 Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Gln Gly Lys Lys Val Val Leu Gly Lys
 20 25 30

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

Lys Asn Leu Lys Ile Glu Asp Ser Asp Thr Tyr Ile Cys Glu Val Glu
 100 105 110
 Asp Gln Lys Glu Glu Val Gln Leu Leu Val Phe Gly Leu Thr Ala Asn
 115 120 125

Ser Asp Thr His Leu Leu Gln Gly Gln Ser Leu Thr Leu Thr Leu Glu
130 135 140

Ser Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Val Gln Cys Arg Ser Pro Arg Gly
145 150 155 160

Lys Asn Ile Gln Gly Gly Lys Thr Leu Ser Val Ser Gln Leu Glu Leu
165 170 175

Gln Asp Ser Gly Thr Trp Thr Cys Thr Val Leu Gln Asn Gln Lys Lys
180 185 190

Val Glu Phe Lys Ile Asp Ile Val Val Leu Ala Phe Gln Lys Ala Ser
195 200 205

Ser Ile Val Tyr Lys Lys Glu Gly Glu Gln Val Glu Phe Ser Phe Pro
210 215 220

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

Gln Ala Glu Arg Ala Ser Ser Ser Lys Ser Trp Ile Thr Phe Asp Leu
245 250 255

Lys Asn Lys Glu Val Ser Val Lys Arg Val Thr Gln Asp Pro Lys Leu
260 265 270

Gln Met Gly Lys Lys Leu Pro Leu His Leu Thr Leu Pro Gln Ala Leu
275 280 285

Pro Gln Tyr Ala Gly Ser Gly Asn Leu Thr Leu Ala Leu Glu Ala Lys
290 295 300

Thr Gly Lys Leu His Gln Glu Val Asn Leu Val Val Met Arg Ala Thr
305 310 315 320

Gln Leu Gln Lys Asn Leu Thr Cys Glu Val Trp Gly Pro Thr Ser Pro
325 330 335

Lys Leu Met Leu Ser Leu Lys Leu Glu Asn Lys Glu Ala Lys Val Ser
340 345 350

Lys Arg Glu Lys Ala Val Trp Val Leu Asn Pro Glu Ala Gly Met Trp
355 360 365

Gln Cys Leu Leu Ser Asp Ser Gly Gln Val Leu Leu Glu Ser Asn Ile

370 375 380
Lys Val Leu Pro Thr Trp Ser Thr Pro Val Gln Pro Met Ala Leu Ile
385 390 395 400
Val Leu Gly Gly Val Ala Gly Leu Leu Leu Phe Ile Gly Leu Gly Ile
405 410 415

Phe Phe Cys Val Arg Cys Arg His Arg Arg Arg Gln Ala Glu Arg Met
420 425 430
Ser Gln Ile Lys Arg Leu Leu Ser Glu Lys Lys Thr Cys Gln Cys Pro
435 440 445
His Arg Phe Gln Lys Thr Cys Ser Pro Ile
450 455

<210> 14

<211> 235

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD8A(CD8-alpha)

<400> 14

Met Ala Leu Pro Val Thr Ala Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Leu Leu

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

65 70 75 80
Ala Glu Gly Leu Asp Thr Gln Arg Phe Ser Gly Lys Arg Leu Gly Asp
85 90 95
Thr Phe Val Leu Thr Leu Ser Asp Phe Arg Arg Glu Asn Glu Gly Tyr
100 105 110

Tyr Phe Cys Ser Ala Leu Ser Asn Ser Ile Met Tyr Phe Ser His Phe
 115 120 125
 Val Pro Val Phe Leu Pro Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg
 130 135 140
 Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg
 145 150 155 160
 Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly
 165 170 175
 Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly Thr
 180 185 190
 Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu Val Ile Thr Leu Tyr Cys Asn His
 195 200 205
 Arg Asn Arg Arg Arg Val Cys Lys Cys Pro Arg Pro Val Val Lys Ser
 210 215 220
 Gly Asp Lys Pro Ser Leu Ser Ala Arg Tyr Val
 225 230 235
 <210> 15
 <211> 210
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> CD8B(CD8-beta)
 <400> 15
 Met Arg Pro Arg Leu Trp Leu Leu Leu Ala Ala Gln Leu Thr Val Leu
 1 5 10 15
 His Gly Asn Ser Val Leu Gln Gln Thr Pro Ala Tyr Ile Lys Val Gln
 20 25 30
 Thr Asn Lys Met Val Met Leu Ser Cys Glu Ala Lys Ile Ser Leu Ser
 35 40 45
 Asn Met Arg Ile Tyr Trp Leu Arg Gln Arg Gln Ala Pro Ser Ser Asp
 50 55 60
 Ser His His Glu Phe Leu Ala Leu Trp Asp Ser Ala Lys Gly Thr Ile

65					70					75					80	
His	Gly	Glu	Glu	Val	Glu	Gln	Glu	Lys	Ile	Ala	Val	Phe	Arg	Asp	Ala	
				85					90					95		
Ser	Arg	Phe	Ile	Leu	Asn	Leu	Thr	Ser	Val	Lys	Pro	Glu	Asp	Ser	Gly	
				100					105					110		
Ile	Tyr	Phe	Cys	Met	Ile	Val	Gly	Ser	Pro	Glu	Leu	Thr	Phe	Gly	Lys	
				115					120					125		
Gly	Thr	Gln	Leu	Ser	Val	Val	Asp	Phe	Leu	Pro	Thr	Thr	Ala	Gln	Pro	
				130					135					140		
Thr	Lys	Lys	Ser	Thr	Leu	Lys	Lys	Arg	Val	Cys	Arg	Leu	Pro	Arg	Pro	
				145					150					155		
Glu	Thr	Gln	Lys	Gly	Pro	Leu	Cys	Ser	Pro	Ile	Thr	Leu	Gly	Leu	Leu	
				165					170					175		
Val	Ala	Gly	Val	Leu	Val	Leu	Leu	Val	Ser	Leu	Gly	Val	Ala	Ile	His	
				180					185					190		
Leu	Cys	Cys	Arg	Arg	Arg	Arg	Ala	Arg	Leu	Arg	Phe	Met	Lys	Gln	Phe	
				195					200					205		
Tyr	Lys															
210																
<210>	16															
<211>	525															
<212>	PRT															
<213>	Homo sapiens															
<220><221>	MISC_FEATURE															
<223>	LAG3															
<400>	16															
Met	Trp	Glu	Ala	Gln	Phe	Leu	Gly	Leu	Leu	Phe	Leu	Gln	Pro	Leu	Trp	
				1					5					10		
Val	Ala	Pro	Val	Lys	Pro	Leu	Gln	Pro	Gly	Ala	Glu	Val	Pro	Val	Val	
				20					25					30		
Trp	Ala	Gln	Glu	Gly	Ala	Pro	Ala	Gln	Leu	Pro	Cys	Ser	Pro	Thr	Ile	

35 40 45
 Pro Leu Gln Asp Leu Ser Leu Leu Arg Arg Ala Gly Val Thr Trp Gln
 50 55 60
 His Gln Pro Asp Ser Gly Pro Pro Ala Ala Ala Pro Gly His Pro Leu
 65 70 75 80
 Ala Pro Gly Pro His Pro Ala Ala Pro Ser Ser Trp Gly Pro Arg Pro
 85 90 95
 Arg Arg Tyr Thr Val Leu Ser Val Gly Pro Gly Gly Leu Arg Ser Gly
 100 105 110

 Arg Leu Pro Leu Gln Pro Arg Val Gln Leu Asp Glu Arg Gly Arg Gln
 115 120 125
 Arg Gly Asp Phe Ser Leu Trp Leu Arg Pro Ala Arg Arg Ala Asp Ala
 130 135 140
 Gly Glu Tyr Arg Ala Ala Val His Leu Arg Asp Arg Ala Leu Ser Cys
 145 150 155 160
 Arg Leu Arg Leu Arg Leu Gly Gln Ala Ser Met Thr Ala Ser Pro Pro
 165 170 175

 Gly Ser Leu Arg Ala Ser Asp Trp Val Ile Leu Asn Cys Ser Phe Ser
 180 185 190
 Arg Pro Asp Arg Pro Ala Ser Val His Trp Phe Arg Asn Arg Gly Gln
 195 200 205
 Gly Arg Val Pro Val Arg Glu Ser Pro His His His Leu Ala Glu Ser
 210 215 220
 Phe Leu Phe Leu Pro Gln Val Ser Pro Met Asp Ser Gly Pro Trp Gly
 225 230 235 240

 Cys Ile Leu Thr Tyr Arg Asp Gly Phe Asn Val Ser Ile Met Tyr Asn
 245 250 255
 Leu Thr Val Leu Gly Leu Glu Pro Pro Thr Pro Leu Thr Val Tyr Ala
 260 265 270
 Gly Ala Gly Ser Arg Val Gly Leu Pro Cys Arg Leu Pro Ala Gly Val
 275 280 285

Gly Thr Arg Ser Phe Leu Thr Ala Lys Trp Thr Pro Pro Gly Gly Gly
290 295 300

Pro Asp Leu Leu Val Thr Gly Asp Asn Gly Asp Phe Thr Leu Arg Leu
305 310 315 320

Glu Asp Val Ser Gln Ala Gln Ala Gly Thr Tyr Thr Cys His Ile His
325 330 335

Leu Gln Glu Gln Gln Leu Asn Ala Thr Val Thr Leu Ala Ile Ile Thr
340 345 350

Val Thr Pro Lys Ser Phe Gly Ser Pro Gly Ser Leu Gly Lys Leu Leu
355 360 365

Cys Glu Val Thr Pro Val Ser Gly Gln Glu Arg Phe Val Trp Ser Ser
370 375 380

Leu Asp Thr Pro Ser Gln Arg Ser Phe Ser Gly Pro Trp Leu Glu Ala
385 390 395 400

Gln Glu Ala Gln Leu Leu Ser Gln Pro Trp Gln Cys Gln Leu Tyr Gln
405 410 415

Gly Glu Arg Leu Leu Gly Ala Ala Val Tyr Phe Thr Glu Leu Ser Ser
420 425 430

Pro Gly Ala Gln Arg Ser Gly Arg Ala Pro Gly Ala Leu Pro Ala Gly
435 440 445

His Leu Leu Leu Phe Leu Ile Leu Gly Val Leu Ser Leu Leu Leu Leu
450 455 460

Val Thr Gly Ala Phe Gly Phe His Leu Trp Arg Arg Gln Trp Arg Pro
465 470 475 480

Arg Arg Phe Ser Ala Leu Glu Gln Gly Ile His Pro Pro Gln Ala Gln
485 490 495

Ser Lys Ile Glu Glu Leu Glu Gln Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro
500 505 510

Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Gln Leu
515 520 525

<210> 17

<211> 301

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> HAVCR2(TIM-3)

<400> 17

Met Phe Ser His Leu Pro Phe Asp Cys Val Leu Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

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

20 25 30

Asn Ala Tyr Leu Pro Cys Phe Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu

35 40 45

Val Pro Val Cys Trp Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly

50 55 60

Asn Val Val Leu Arg Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Ile Glu Asn Val Thr Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile

100 105 110

Gln Ile Pro Gly Ile Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val

115 120 125

Ile Lys Pro Ala Lys Val Thr Pro Ala Pro Thr Arg Gln Arg Asp Phe

130 135 140

Thr Ala Ala Phe Pro Arg Met Leu Thr Thr Arg Gly His Gly Pro Ala

145 150 155 160

Glu Thr Gln Thr Leu Gly Ser Leu Pro Asp Ile Asn Leu Thr Gln Ile

165 170 175

Ser Thr Leu Ala Asn Glu Leu Arg Asp Ser Arg Leu Ala Asn Asp Leu

180 185 190

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

195 200 205

Ile Cys Ala Gly Leu Ala Leu Ala Leu Ile Phe Gly Ala Leu Ile Phe

210 215 220

Lys Trp Tyr Ser His Ser Lys Glu Lys Ile Gln Asn Leu Ser Leu Ile

225 230 235 240

Ser Leu Ala Asn Leu Pro Pro Ser Gly Leu Ala Asn Ala Val Ala Glu

245 250 255

Gly Ile Arg Ser Glu Glu Asn Ile Tyr Thr Ile Glu Glu Asn Val Tyr

260 265 270

Glu Val Glu Glu Pro Asn Glu Tyr Tyr Cys Tyr Val Ser Ser Arg Gln

275 280 285

Gln Pro Ser Gln Pro Leu Gly Cys Arg Phe Ala Met Pro

290 295 300

<210> 18

<211> 526

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CEACAM1

<400> 18

Met Gly His Leu Ser Ala Pro Leu His Arg Val Arg Val Pro Trp Gln

1 5 10 15

Gly Leu Leu Leu Thr Ala Ser Leu Leu Thr Phe Trp Asn Pro Pro Thr

20 25 30

Thr Ala Gln Leu Thr Thr Glu Ser Met Pro Phe Asn Val Ala Glu Gly

35 40 45

Lys Glu Val Leu Leu Leu Val His Asn Leu Pro Gln Gln Leu Phe Gly

50 55 60

Tyr Ser Trp Tyr Lys Gly Glu Arg Val Asp Gly Asn Arg Gln Ile Val

65 70 75 80

Gly Tyr Ala Ile Gly Thr Gln Gln Ala Thr Pro Gly Pro Ala Asn Ser

85 90 95

Gly Arg Glu Thr Ile Tyr Pro Asn Ala Ser Leu Leu Ile Gln Asn Val
 100 105 110
 Thr Gln Asn Asp Thr Gly Phe Tyr Thr Leu Gln Val Ile Lys Ser Asp
 115 120 125
 Leu Val Asn Glu Glu Ala Thr Gly Gln Phe His Val Tyr Pro Glu Leu
 130 135 140
 Pro Lys Pro Ser Ile Ser Ser Asn Asn Ser Asn Pro Val Glu Asp Lys
 145 150 155 160

 Asp Ala Val Ala Phe Thr Cys Glu Pro Glu Thr Gln Asp Thr Thr Tyr
 165 170 175
 Leu Trp Trp Ile Asn Asn Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg Leu Gln
 180 185 190
 Leu Ser Asn Gly Asn Arg Thr Leu Thr Leu Leu Ser Val Thr Arg Asn
 195 200 205
 Asp Thr Gly Pro Tyr Glu Cys Glu Ile Gln Asn Pro Val Ser Ala Asn
 210 215 220

 Arg Ser Asp Pro Val Thr Leu Asn Val Thr Tyr Gly Pro Asp Thr Pro
 225 230 235 240
 Thr Ile Ser Pro Ser Asp Thr Tyr Tyr Arg Pro Gly Ala Asn Leu Ser
 245 250 255
 Leu Ser Cys Tyr Ala Ala Ser Asn Pro Pro Ala Gln Tyr Ser Trp Leu
 260 265 270
 Ile Asn Gly Thr Phe Gln Gln Ser Thr Gln Glu Leu Phe Ile Pro Asn
 275 280 285

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

340 345 350
 Thr Gly Ile Ser Ile Arg Trp Phe Phe Lys Asn Gln Ser Leu Pro Ser
 355 360 365
 Ser Glu Arg Met Lys Leu Ser Gln Gly Asn Thr Thr Leu Ser Ile Asn
 370 375 380
 Pro Val Lys Arg Glu Asp Ala Gly Thr Tyr Trp Cys Glu Val Phe Asn
 385 390 395 400
 Pro Ile Ser Lys Asn Gln Ser Asp Pro Ile Met Leu Asn Val Asn Tyr
 405 410 415

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

 Ser Asn Asp Pro Pro Asn Lys Met Asn Glu Val Thr Tyr Ser Thr Leu
 485 490 495
 Asn Phe Glu Ala Gln Gln Pro Thr Gln Pro Thr Ser Ala Ser Pro Ser
 500 505 510
 Leu Thr Ala Thr Glu Ile Ile Tyr Ser Glu Val Lys Lys Gln
 515 520 525
 <210> 19
 <211> 244
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> TIGIT
 <400> 19
 Met Arg Trp Cys Leu Leu Leu Ile Trp Ala Gln Gly Leu Arg Gln Ala

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

 65 70 75 80
 Phe Lys Asp Arg Val Ala Pro Gly Pro Gly Leu Gly Leu Thr Leu Gln
 85 90 95
 Ser Leu Thr Val Asn Asp Thr Gly Glu Tyr Phe Cys Ile Tyr His Thr
 100 105 110
 Tyr Pro Asp Gly Thr Tyr Thr Gly Arg Ile Phe Leu Glu Val Leu Glu
 115 120 125
 Ser Ser Val Ala Glu His Gly Ala Arg Phe Gln Ile Pro Leu Leu Gly

 130 135 140
 Ala Met Ala Ala Thr Leu Val Val Ile Cys Thr Ala Val Ile Val Val
 145 150 155 160
 Val Ala Leu Thr Arg Lys Lys Lys Ala Leu Arg Ile His Ser Val Glu
 165 170 175
 Gly Asp Leu Arg Arg Lys Ser Ala Gly Gln Glu Glu Trp Ser Pro Ser
 180 185 190
 Ala Pro Ser Pro Pro Gly Ser Cys Val Gln Ala Glu Ala Ala Pro Ala

 195 200 205
 Gly Leu Cys Gly Glu Gln Arg Gly Glu Asp Cys Ala Glu Leu His Asp
 210 215 220
 Tyr Phe Asn Val Leu Ser Tyr Arg Ser Leu Gly Asn Cys Ser Phe Phe
 225 230 235 240
 Thr Glu Thr Gly

<210> 20

<211> 417

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> PVR(CD155)

<400> 20

Met Ala Arg Ala Met Ala Ala Ala Trp Pro Leu Leu Leu Val Ala Leu

1 5 10 15
Leu Val Leu Ser Trp Pro Pro Pro Gly Thr Gly Asp Val Val Val Gln

20 25 30
Ala Pro Thr Gln Val Pro Gly Phe Leu Gly Asp Ser Val Thr Leu Pro

35 40 45
Cys Tyr Leu Gln Val Pro Asn Met Glu Val Thr His Val Ser Gln Leu

50 55 60
Thr Trp Ala Arg His Gly Glu Ser Gly Ser Met Ala Val Phe His Gln

65 70 75 80
Thr Gln Gly Pro Ser Tyr Ser Glu Ser Lys Arg Leu Glu Phe Val Ala

85 90 95
Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Arg Asn Ala Ser Leu Arg Met Phe Gly

100 105 110
Leu Arg Val Glu Asp Glu Gly Asn Tyr Thr Cys Leu Phe Val Thr Phe

115 120 125
Pro Gln Gly Ser Arg Ser Val Asp Ile Trp Leu Arg Val Leu Ala Lys

130 135 140
Pro Gln Asn Thr Ala Glu Val Gln Lys Val Gln Leu Thr Gly Glu Pro

145 150 155 160
Val Pro Met Ala Arg Cys Val Ser Thr Gly Gly Arg Pro Pro Ala Gln

165 170 175
Ile Thr Trp His Ser Asp Leu Gly Gly Met Pro Asn Thr Ser Gln Val

180 185 190
Pro Gly Phe Leu Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Ser Leu Trp Ile Leu

195 200 205
 Val Pro Ser Ser Gln Val Asp Gly Lys Asn Val Thr Cys Lys Val Glu
 210 215 220
 His Glu Ser Phe Glu Lys Pro Gln Leu Leu Thr Val Asn Leu Thr Val
 225 230 235 240
 Tyr Tyr Pro Pro Glu Val Ser Ile Ser Gly Tyr Asp Asn Asn Trp Tyr
 245 250 255
 Leu Gly Gln Asn Glu Ala Thr Leu Thr Cys Asp Ala Arg Ser Asn Pro

 260 265 270
 Glu Pro Thr Gly Tyr Asn Trp Ser Thr Thr Met Gly Pro Leu Pro Pro
 275 280 285
 Phe Ala Val Ala Gln Gly Ala Gln Leu Leu Ile Arg Pro Val Asp Lys
 290 295 300
 Pro Ile Asn Thr Thr Leu Ile Cys Asn Val Thr Asn Ala Leu Gly Ala
 305 310 315 320
 Arg Gln Ala Glu Leu Thr Val Gln Val Lys Glu Gly Pro Pro Ser Glu

 325 330 335
 His Ser Gly Ile Ser Arg Asn Ala Ile Ile Phe Leu Val Leu Gly Ile
 340 345 350
 Leu Val Phe Leu Ile Leu Leu Gly Ile Gly Ile Tyr Phe Tyr Trp Ser
 355 360 365
 Lys Cys Ser Arg Glu Val Leu Trp His Cys His Leu Cys Pro Ser Ser
 370 375 380
 Thr Glu His Ala Ser Ala Ser Ala Asn Gly His Val Ser Tyr Ser Ala

 385 390 395 400
 Val Ser Arg Glu Asn Ser Ser Ser Gln Asp Pro Gln Thr Glu Gly Thr
 405 410 415
 Arg

<210> 21
 <211> 538
 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> PVRL2(CD112)

<400> 21

Met Ala Arg Ala Ala Ala Leu Leu Pro Ser Arg Ser Pro Pro Thr Pro

1 5 10 15

Leu Leu Trp Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Glu Thr Gly Ala Gln

20 25 30

Asp Val Arg Val Gln Val Leu Pro Glu Val Arg Gly Gln Leu Gly Gly

35 40 45

Thr Val Glu Leu Pro Cys His Leu Leu Pro Pro Val Pro Gly Leu Tyr

50 55 60

Ile Ser Leu Val Thr Trp Gln Arg Pro Asp Ala Pro Ala Asn His Gln

65 70 75 80

Asn Val Ala Ala Phe His Pro Lys Met Gly Pro Ser Phe Pro Ser Pro

85 90 95

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

100 105 110

Gly Gln Asp Thr Glu Ala Glu Leu Gln Asp Ala Thr Leu Ala Leu His

115 120 125

Gly Leu Thr Val Glu Asp Glu Gly Asn Tyr Thr Cys Glu Phe Ala Thr

130 135 140

Phe Pro Lys Gly Ser Val Arg Gly Met Thr Trp Leu Arg Val Ile Ala

145 150 155 160

Lys Pro Lys Asn Gln Ala Glu Ala Gln Lys Val Thr Phe Ser Gln Asp

165 170 175

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

180 185 190

Arg Ile Ser Trp Leu Ser Ser Leu Asp Trp Glu Ala Lys Glu Thr Gln

195 200 205

Val Ser Gly Thr Leu Ala Gly Thr Val Thr Val Thr Ser Arg Phe Thr

210 215 220
 Leu Val Pro Ser Gly Arg Ala Asp Gly Val Thr Val Thr Cys Lys Val
 225 230 235 240
 Glu His Glu Ser Phe Glu Glu Pro Ala Leu Ile Pro Val Thr Leu Ser
 245 250 255
 Val Arg Tyr Pro Pro Glu Val Ser Ile Ser Gly Tyr Asp Asp Asn Trp
 260 265 270
 Tyr Leu Gly Arg Thr Asp Ala Thr Leu Ser Cys Asp Val Arg Ser Asn

 275 280 285
 Pro Glu Pro Thr Gly Tyr Asp Trp Ser Thr Thr Ser Gly Thr Phe Pro
 290 295 300
 Thr Ser Ala Val Ala Gln Gly Ser Gln Leu Val Ile His Ala Val Asp
 305 310 315 320
 Ser Leu Phe Asn Thr Thr Phe Val Cys Thr Val Thr Asn Ala Val Gly
 325 330 335
 Met Gly Arg Ala Glu Gln Val Ile Phe Val Arg Glu Thr Pro Asn Thr

 340 345 350
 Ala Gly Ala Gly Ala Thr Gly Gly Ile Ile Gly Gly Ile Ile Ala Ala
 355 360 365
 Ile Ile Ala Thr Ala Val Ala Ala Thr Gly Ile Leu Ile Cys Arg Gln
 370 375 380
 Gln Arg Lys Glu Gln Thr Leu Gln Gly Ala Glu Glu Asp Glu Asp Leu
 385 390 395 400
 Glu Gly Pro Pro Ser Tyr Lys Pro Pro Thr Pro Lys Ala Lys Leu Glu

 405 410 415
 Ala Gln Glu Met Pro Ser Gln Leu Phe Thr Leu Gly Ala Ser Glu His
 420 425 430
 Ser Pro Leu Lys Thr Pro Tyr Phe Asp Ala Gly Ala Ser Cys Thr Glu
 435 440 445
 Gln Glu Met Pro Arg Tyr His Glu Leu Pro Thr Leu Glu Glu Arg Ser
 450 455 460

Gly Pro Leu His Pro Gly Ala Thr Ser Leu Gly Ser Pro Ile Pro Val

465 470 475 480
Pro Pro Gly Pro Pro Ala Val Glu Asp Val Ser Leu Asp Leu Glu Asp

 485 490 495
Glu Glu Gly Glu Glu Glu Glu Tyr Leu Asp Lys Ile Asn Pro Ile

 500 505 510
Tyr Asp Ala Leu Ser Tyr Ser Ser Pro Ser Asp Ser Tyr Gln Gly Lys

 515 520 525
Gly Phe Val Met Ser Arg Ala Met Tyr Val

530 535

<210> 22

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD226

<400> 22

Met Asp Tyr Pro Thr Leu Leu Leu Ala Leu Leu His Val Tyr Arg Ala

1 5 10 15

Leu Cys Glu Glu Val Leu Trp His Thr Ser Val Pro Phe Ala Glu Asn

20 25 30

Met Ser Leu Glu Cys Val Tyr Pro Ser Met Gly Ile Leu Thr Gln Val

35 40 45

Glu Trp Phe Lys Ile Gly Thr Gln Gln Asp Ser Ile Ala Ile Phe Ser

50 55 60

Pro Thr His Gly Met Val Ile Arg Lys Pro Tyr Ala Glu Arg Val Tyr

65 70 75 80

Phe Leu Asn Ser Thr Met Ala Ser Asn Asn Met Thr Leu Phe Phe Arg

85 90 95

Asn Ala Ser Glu Asp Asp Val Gly Tyr Tyr Ser Cys Ser Leu Tyr Thr

100 105 110

Tyr Pro Gln Gly Thr Trp Gln Lys Val Ile Gln Val Val Gln Ser Asp
 115 120 125
 Ser Phe Glu Ala Ala Val Pro Ser Asn Ser His Ile Val Ser Glu Pro
 130 135 140
 Gly Lys Asn Val Thr Leu Thr Cys Gln Pro Gln Met Thr Trp Pro Val
 145 150 155 160
 Gln Ala Val Arg Trp Glu Lys Ile Gln Pro Arg Gln Ile Asp Leu Leu
 165 170 175

 Thr Tyr Cys Asn Leu Val His Gly Arg Asn Phe Thr Ser Lys Phe Pro
 180 185 190
 Arg Gln Ile Val Ser Asn Cys Ser His Gly Arg Trp Ser Val Ile Val
 195 200 205
 Ile Pro Asp Val Thr Val Ser Asp Ser Gly Leu Tyr Arg Cys Tyr Leu
 210 215 220
 Gln Ala Ser Ala Gly Glu Asn Glu Thr Phe Val Met Arg Leu Thr Val
 225 230 235 240

 Ala Glu Gly Lys Thr Asp Asn Gln Tyr Thr Leu Phe Val Ala Gly Gly
 245 250 255
 Thr Val Leu Leu Leu Leu Phe Val Ile Ser Ile Thr Thr Ile Ile Val
 260 265 270
 Ile Phe Leu Asn Arg Arg Arg Arg Glu Arg Arg Asp Leu Phe Thr
 275 280 285
 Glu Ser Trp Asp Thr Gln Lys Ala Pro Asn Asn Tyr Arg Ser Pro Ile
 290 295 300

 Ser Thr Ser Gln Pro Thr Asn Gln Ser Met Asp Asp Thr Arg Glu Asp
 305 310 315 320
 Ile Tyr Val Asn Tyr Pro Thr Phe Ser Arg Arg Pro Lys Thr Arg Val
 325 330 335

 <210> 23
 <211> 351
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD2

<400> 23

Met Ser Phe Pro Cys Lys Phe Val Ala Ser Phe Leu Leu Ile Phe Asn

1 5 10 15

Val Ser Ser Lys Gly Ala Val Ser Lys Glu Ile Thr Asn Ala Leu Glu

20 25 30

Thr Trp Gly Ala Leu Gly Gln Asp Ile Asn Leu Asp Ile Pro Ser Phe

35 40 45

Gln Met Ser Asp Asp Ile Asp Asp Ile Lys Trp Glu Lys Thr Ser Asp

50 55 60

Lys Lys Lys Ile Ala Gln Phe Arg Lys Glu Lys Glu Thr Phe Lys Glu

65 70 75 80

Lys Asp Thr Tyr Lys Leu Phe Lys Asn Gly Thr Leu Lys Ile Lys His

85 90 95

Leu Lys Thr Asp Asp Gln Asp Ile Tyr Lys Val Ser Ile Tyr Asp Thr

100 105 110

Lys Gly Lys Asn Val Leu Glu Lys Ile Phe Asp Leu Lys Ile Gln Glu

115 120 125

Arg Val Ser Lys Pro Lys Ile Ser Trp Thr Cys Ile Asn Thr Thr Leu

130 135 140

Thr Cys Glu Val Met Asn Gly Thr Asp Pro Glu Leu Asn Leu Tyr Gln

145 150 155 160

Asp Gly Lys His Leu Lys Leu Ser Gln Arg Val Ile Thr His Lys Trp

165 170 175

Thr Thr Ser Leu Ser Ala Lys Phe Lys Cys Thr Ala Gly Asn Lys Val

180 185 190

Ser Lys Glu Ser Ser Val Glu Pro Val Ser Cys Pro Glu Lys Gly Leu

195 200 205

Asp Ile Tyr Leu Ile Ile Gly Ile Cys Gly Gly Gly Ser Leu Leu Met

210 215 220

Val Phe Val Ala Leu Leu Val Phe Tyr Ile Thr Lys Arg Lys Lys Gln
225 230 235 240
Arg Ser Arg Arg Asn Asp Glu Glu Leu Glu Thr Arg Ala His Arg Val
245 250 255
Ala Thr Glu Glu Arg Gly Arg Lys Pro His Gln Ile Pro Ala Ser Thr
260 265 270
Pro Gln Asn Pro Ala Thr Ser Gln His Pro Pro Pro Pro Pro Gly His
275 280 285
Arg Ser Gln Ala Pro Ser His Arg Pro Pro Pro Pro Gly His Arg Val
290 295 300
Gln His Gln Pro Gln Lys Arg Pro Pro Ala Pro Ser Gly Thr Gln Val
305 310 315 320
His Gln Gln Lys Gly Pro Pro Leu Pro Arg Pro Arg Val Gln Pro Lys
325 330 335
Pro Pro His Gly Ala Ala Glu Asn Ser Leu Ser Pro Ser Ser Asn
340 345 350
<210> 24
<211> 180
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<220><221> MISC_FEATURE
<223> CD160
<400> 24
Met Leu Leu Glu Pro Gly Arg Gly Cys Cys Ala Leu Ala Ile Leu Leu
1 5 10 15
Ala Ile Val Asp Ile Gln Ser Gly Gly Cys Ile Asn Ile Thr Ser Ser
20 25 30
Ala Ser Gln Glu Gly Thr Arg Leu Asn Leu Ile Cys Thr Val Trp His
35 40 45
Lys Lys Glu Glu Ala Glu Gly Phe Val Val Phe Leu Cys Lys Asp Arg
50 55 60
Ser Gly Asp Cys Ser Pro Glu Thr Ser Leu Lys Gln Leu Arg Leu Lys

65 70 75 80
 Arg Asp Pro Gly Ile Asp Gly Val Gly Glu Ile Ser Ser Gln Leu Met
 85 90 95
 Phe Thr Ile Ser Gln Val Thr Pro Leu His Ser Gly Thr Tyr Gln Cys
 100 105 110

Cys Ala Arg Ser Gln Lys Ser Gly Ile Arg Leu Gln Gly His Phe Phe
 115 120 125
 Ser Ile Leu Phe Thr Glu Thr Gly Asn Tyr Thr Val Thr Gly Leu Lys
 130 135 140
 Gln Arg Gln His Leu Glu Phe Ser His Asn Glu Gly Thr Leu Ser Ser
 145 150 155 160
 Gly Phe Leu Gln Glu Lys Val Trp Val Met Leu Val Thr Ser Leu Val
 165 170 175

Ala Leu Gln Ala
 180

<210> 25
 <211> 278
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> CD200
 <400> 25

Met Glu Arg Leu Val Ile Arg Met Pro Phe Ser His Leu Ser Thr Tyr
 1 5 10 15
 Ser Leu Val Trp Val Met Ala Ala Val Val Leu Cys Thr Ala Gln Val
 20 25 30
 Gln Val Val Thr Gln Asp Glu Arg Glu Gln Leu Tyr Thr Pro Ala Ser
 35 40 45

Leu Lys Cys Ser Leu Gln Asn Ala Gln Glu Ala Leu Ile Val Thr Trp
 50 55 60
 Gln Lys Lys Lys Ala Val Ser Pro Glu Asn Met Val Thr Phe Ser Glu
 65 70 75 80

Asn His Gly Val Val Ile Gln Pro Ala Tyr Lys Asp Lys Ile Asn Ile
 85 90 95
 Thr Gln Leu Gly Leu Gln Asn Ser Thr Ile Thr Phe Trp Asn Ile Thr
 100 105 110

 Leu Glu Asp Glu Gly Cys Tyr Met Cys Leu Phe Asn Thr Phe Gly Phe
 115 120 125
 Gly Lys Ile Ser Gly Thr Ala Cys Leu Thr Val Tyr Val Gln Pro Ile
 130 135 140
 Val Ser Leu His Tyr Lys Phe Ser Glu Asp His Leu Asn Ile Thr Cys
 145 150 155 160
 Ser Ala Thr Ala Arg Pro Ala Pro Met Val Phe Trp Lys Val Pro Arg
 165 170 175

 Ser Gly Ile Glu Asn Ser Thr Val Thr Leu Ser His Pro Asn Gly Thr
 180 185 190
 Thr Ser Val Thr Ser Ile Leu His Ile Lys Asp Pro Lys Asn Gln Val
 195 200 205
 Gly Lys Glu Val Ile Cys Gln Val Leu His Leu Gly Thr Val Thr Asp
 210 215 220
 Phe Lys Gln Thr Val Asn Lys Gly Tyr Trp Phe Ser Val Pro Leu Leu
 225 230 235 240

 Leu Ser Ile Val Ser Leu Val Ile Leu Leu Val Leu Ile Ser Ile Leu
 245 250 255
 Leu Tyr Trp Lys Arg His Arg Asn Gln Asp Arg Gly Glu Leu Ser Gln
 260 265 270
 Gly Val Gln Lys Met Thr
 275

 <210> 26
 <211> 325
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> CD200R1(CD200R)

<400> 26

Met Leu Cys Pro Trp Arg Thr Ala Asn Leu Gly Leu Leu Leu Ile Leu
1 5 10 15

Thr Ile Phe Leu Val Ala Ala Ser Ser Ser Leu Cys Met Asp Glu Lys
20 25 30

Gln Ile Thr Gln Asn Tyr Ser Lys Val Leu Ala Glu Val Asn Thr Ser
35 40 45

Trp Pro Val Lys Met Ala Thr Asn Ala Val Leu Cys Cys Pro Pro Ile
50 55 60

Ala Leu Arg Asn Leu Ile Ile Ile Thr Trp Glu Ile Ile Leu Arg Gly
65 70 75 80

Gln Pro Ser Cys Thr Lys Ala Tyr Arg Lys Glu Thr Asn Glu Thr Lys
85 90 95

Glu Thr Asn Cys Thr Asp Glu Arg Ile Thr Trp Val Ser Arg Pro Asp
100 105 110

Gln Asn Ser Asp Leu Gln Ile Arg Pro Val Ala Ile Thr His Asp Gly
115 120 125

Tyr Tyr Arg Cys Ile Met Val Thr Pro Asp Gly Asn Phe His Arg Gly
130 135 140

Tyr His Leu Gln Val Leu Val Thr Pro Glu Val Thr Leu Phe Gln Asn
145 150 155 160

Arg Asn Arg Thr Ala Val Cys Lys Ala Val Ala Gly Lys Pro Ala Ala
165 170 175

Gln Ile Ser Trp Ile Pro Glu Gly Asp Cys Ala Thr Lys Gln Glu Tyr
180 185 190

Trp Ser Asn Gly Thr Val Thr Val Lys Ser Thr Cys His Trp Glu Val
195 200 205

His Asn Val Ser Thr Val Thr Cys His Val Ser His Leu Thr Gly Asn
210 215 220

Lys Ser Leu Tyr Ile Glu Leu Leu Pro Val Pro Gly Ala Lys Lys Ser
225 230 235 240

Ala Lys Leu Tyr Ile Pro Tyr Ile Ile Leu Thr Ile Ile Ile Leu Thr
 245 250 255
 Ile Val Gly Phe Ile Trp Leu Leu Lys Val Asn Gly Cys Arg Lys Tyr
 260 265 270

Lys Leu Asn Lys Thr Glu Ser Thr Pro Val Val Glu Glu Asp Glu Met
 275 280 285
 Gln Pro Tyr Ala Ser Tyr Thr Glu Lys Asn Asn Pro Leu Tyr Asp Thr
 290 295 300
 Thr Asn Lys Val Lys Ala Ser Glu Ala Leu Gln Ser Glu Val Asp Thr
 305 310 315 320
 Asp Leu His Thr Leu
 325

<210> 27

<211> 201

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> NC R3 (NKp30)

<400> 27

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

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

100 105 110
 Leu Gly Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu
 115 120 125

Lys Glu His Pro Gln Leu Gly Ala Gly Thr Val Leu Leu Leu Arg Ala
 130 135 140
 Gly Phe Tyr Ala Val Ser Phe Leu Ser Val Ala Val Gly Ser Thr Val
 145 150 155 160
 Tyr Tyr Gln Gly Lys Cys Leu Thr Trp Lys Gly Pro Arg Arg Gln Leu
 165 170 175
 Pro Ala Val Val Pro Ala Pro Leu Pro Pro Pro Cys Gly Ser Ser Ala
 180 185 190

His Leu Leu Pro Pro Val Pro Gly Gly
 195 200

<210> 28
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> CD80(B7-1) ECD
 <400> 28

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

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

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

100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 29

<211> 224

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD86(B7-2) ECD

<400> 29

Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro

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

65 70 75 80

Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile His His Lys Lys Pro Thr Gly
85 90 95
Met Ile Arg Ile His Gln Met Asn Ser Glu Leu Ser Val Leu Ala Asn
100 105 110
Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile Ser Asn Ile Thr Glu Asn Val
115 120 125
Tyr Ile Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ile His Gly Tyr Pro Glu Pro Lys
130 135 140
Lys Met Ser Val Leu Leu Arg Thr Lys Asn Ser Thr Ile Glu Tyr Asp
145 150 155 160
Gly Val Met Gln Lys Ser Gln Asp Asn Val Thr Glu Leu Tyr Asp Val
165 170 175
Ser Ile Ser Leu Ser Val Ser Phe Pro Asp Val Thr Ser Asn Met Thr
180 185 190
Ile Phe Cys Ile Leu Glu Thr Asp Lys Thr Arg Leu Leu Ser Ser Pro
195 200 205
Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln Pro Pro Pro Asp His Ile Pro
210 215 220
<210> 30
<211> 220
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<220><221> MISC_FEATURE
<223> CD274 (PD-L1, B7-H1) ECD
<400> 30
Phe Thr Val Thr Val Pro Lys Asp Leu Tyr Val Val Glu Tyr Gly Ser
1 5 10 15
Asn Met Thr Ile Glu Cys Lys Phe Pro Val Glu Lys Gln Leu Asp Leu
20 25 30
Ala Ala Leu Ile Val Tyr Trp Glu Met Glu Asp Lys Asn Ile Ile Gln
35 40 45
Phe Val His Gly Glu Glu Asp Leu Lys Val Gln His Ser Ser Tyr Arg

50 55 60
Gln Arg Ala Arg Leu Leu Lys Asp Gln Leu Ser Leu Gly Asn Ala Ala
65 70 75 80
Leu Gln Ile Thr Asp Val Lys Leu Gln Asp Ala Gly Val Tyr Arg Cys

85 90 95
Met Ile Ser Tyr Gly Gly Ala Asp Tyr Lys Arg Ile Thr Val Lys Val
100 105 110
Asn Ala Pro Tyr Asn Lys Ile Asn Gln Arg Ile Leu Val Val Asp Pro
115 120 125
Val Thr Ser Glu His Glu Leu Thr Cys Gln Ala Glu Gly Tyr Pro Lys
130 135 140
Ala Glu Val Ile Trp Thr Ser Ser Asp His Gln Val Leu Ser Gly Lys

145 150 155 160
Thr Thr Thr Thr Asn Ser Lys Arg Glu Glu Lys Leu Phe Asn Val Thr
165 170 175
Ser Thr Leu Arg Ile Asn Thr Thr Thr Asn Glu Ile Phe Tyr Cys Thr
180 185 190
Phe Arg Arg Leu Asp Pro Glu Glu Asn His Thr Ala Glu Leu Val Ile
195 200 205
Pro Glu Leu Pro Leu Ala His Pro Pro Asn Glu Arg

210 215 220

<210> 31

<211> 201

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> PDCD1LG2(PD-L2, CD273) ECD

<400> 31

Leu Phe Thr Val Thr Val Pro Lys Glu Leu Tyr Ile Ile Glu His Gly
1 5 10 15
Ser Asn Val Thr Leu Glu Cys Asn Phe Asp Thr Gly Ser His Val Asn
20 25 30

Leu Gly Ala Ile Thr Ala Ser Leu Gln Lys Val Glu Asn Asp Thr Ser

35 40 45

Pro His Arg Glu Arg Ala Thr Leu Leu Glu Glu Gln Leu Pro Leu Gly

50 55 60

Lys Ala Ser Phe His Ile Pro Gln Val Gln Val Arg Asp Glu Gly Gln

65 70 75 80

Tyr Gln Cys Ile Ile Ile Tyr Gly Val Ala Trp Asp Tyr Lys Tyr Leu

85 90 95

Thr Leu Lys Val Lys Ala Ser Tyr Arg Lys Ile Asn Thr His Ile Leu

100 105 110

Lys Val Pro Glu Thr Asp Glu Val Glu Leu Thr Cys Gln Ala Thr Gly

115 120 125

Tyr Pro Leu Ala Glu Val Ser Trp Pro Asn Val Ser Val Pro Ala Asn

130 135 140

Thr Ser His Ser Arg Thr Pro Glu Gly Leu Tyr Gln Val Thr Ser Val

145 150 155 160

Leu Arg Leu Lys Pro Pro Pro Gly Arg Asn Phe Ser Cys Val Phe Trp

165 170 175

Asn Thr His Val Arg Glu Leu Thr Leu Ala Ser Ile Asp Leu Gln Ser

180 185 190

Gln Met Glu Pro Arg Thr His Pro Thr

195 200

<210> 32

<211> 238

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> ICOSLG(B7RP1, CD275, ICOSL, B7-H2) ECD

<400> 32

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45
Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
100 105 110
Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
115 120 125
His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160
Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175
Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
180 185 190
Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220
Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 33

<211> 438

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD276(B7-H3) ECD

<400> 33

Leu Glu Val Gln Val Pro Glu Asp Pro Val Val Ala Leu Val Gly Thr

1 5 10 15

Asp Ala Thr Leu Cys Cys Ser Phe Ser Pro Glu Pro Gly Phe Ser Leu

20 25 30

Ala Gln Leu Asn Leu Ile Trp Gln Leu Thr Asp Thr Lys Gln Leu Val

35 40 45

His Ser Phe Ala Glu Gly Gln Asp Gln Gly Ser Ala Tyr Ala Asn Arg

50 55 60

Thr Ala Leu Phe Pro Asp Leu Leu Ala Gln Gly Asn Ala Ser Leu Arg

65 70 75 80

Leu Gln Arg Val Arg Val Ala Asp Glu Gly Ser Phe Thr Cys Phe Val

85 90 95

Ser Ile Arg Asp Phe Gly Ser Ala Ala Val Ser Leu Gln Val Ala Ala

100 105 110

Pro Tyr Ser Lys Pro Ser Met Thr Leu Glu Pro Asn Lys Asp Leu Arg

115 120 125

Pro Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Ser Ser Tyr Gln Gly Tyr Pro

130 135 140

Glu Ala Glu Val Phe Trp Gln Asp Gly Gln Gly Val Pro Leu Thr Gly

145 150 155 160

Asn Val Thr Thr Ser Gln Met Ala Asn Glu Gln Gly Leu Phe Asp Val

165 170 175

His Ser Ile Leu Arg Val Val Leu Gly Ala Asn Gly Thr Tyr Ser Cys

180 185 190

Leu Val Arg Asn Pro Val Leu Gln Gln Asp Ala His Ser Ser Val Thr

195 200 205

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

210 215 220

Glu Asp Pro Val Val Ala Leu Val Gly Thr Asp Ala Thr Leu Arg Cys
 225 230 235 240
 Ser Phe Ser Pro Glu Pro Gly Phe Ser Leu Ala Gln Leu Asn Leu Ile
 245 250 255
 Trp Gln Leu Thr Asp Thr Lys Gln Leu Val His Ser Phe Thr Glu Gly
 260 265 270
 Arg Asp Gln Gly Ser Ala Tyr Ala Asn Arg Thr Ala Leu Phe Pro Asp
 275 280 285
 Leu Leu Ala Gln Gly Asn Ala Ser Leu Arg Leu Gln Arg Val Arg Val
 290 295 300
 Ala Asp Glu Gly Ser Phe Thr Cys Phe Val Ser Ile Arg Asp Phe Gly
 305 310 315 320
 Ser Ala Ala Val Ser Leu Gln Val Ala Ala Pro Tyr Ser Lys Pro Ser
 325 330 335
 Met Thr Leu Glu Pro Asn Lys Asp Leu Arg Pro Gly Asp Thr Val Thr
 340 345 350
 Ile Thr Cys Ser Ser Tyr Arg Gly Tyr Pro Glu Ala Glu Val Phe Trp
 355 360 365
 Gln Asp Gly Gln Gly Val Pro Leu Thr Gly Asn Val Thr Thr Ser Gln
 370 375 380
 Met Ala Asn Glu Gln Gly Leu Phe Asp Val His Ser Val Leu Arg Val
 385 390 395 400
 Val Leu Gly Ala Asn Gly Thr Tyr Ser Cys Leu Val Arg Asn Pro Val
 405 410 415
 Leu Gln Gln Asp Ala His Gly Ser Val Thr Ile Thr Gly Gln Pro Met
 420 425 430
 Thr Phe Pro Pro Glu Ala
 435
 <210> 34
 <211> 235
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> VTCN1(B7-H4) ECD

<400> 34

Leu Ile Ile Gly Phe Gly Ile Ser Gly Arg His Ser Ile Thr Val Thr

1 5 10 15

Thr Val Ala Ser Ala Gly Asn Ile Gly Glu Asp Gly Ile Leu Ser Cys

20 25 30

Thr Phe Glu Pro Asp Ile Lys Leu Ser Asp Ile Val Ile Gln Trp Leu

35 40 45

Lys Glu Gly Val Leu Gly Leu Val His Glu Phe Lys Glu Gly Lys Asp

50 55 60

Glu Leu Ser Glu Gln Asp Glu Met Phe Arg Gly Arg Thr Ala Val Phe

65 70 75 80

Ala Asp Gln Val Ile Val Gly Asn Ala Ser Leu Arg Leu Lys Asn Val

85 90 95

Gln Leu Thr Asp Ala Gly Thr Tyr Lys Cys Tyr Ile Ile Thr Ser Lys

100 105 110

Gly Lys Gly Asn Ala Asn Leu Glu Tyr Lys Thr Gly Ala Phe Ser Met

115 120 125

Pro Glu Val Asn Val Asp Tyr Asn Ala Ser Ser Glu Thr Leu Arg Cys

130 135 140

Glu Ala Pro Arg Trp Phe Pro Gln Pro Thr Val Val Trp Ala Ser Gln

145 150 155 160

Val Asp Gln Gly Ala Asn Phe Ser Glu Val Ser Asn Thr Ser Phe Glu

165 170 175

Leu Asn Ser Glu Asn Val Thr Met Lys Val Val Ser Val Leu Tyr Asn

180 185 190

Val Thr Ile Asn Asn Thr Tyr Ser Cys Met Ile Glu Asn Asp Ile Ala

195 200 205

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

210 215 220

Ser His Leu Gln Leu Leu Asn Ser Lys Ala Ser

225 230 235

<210> 35

<211> 134

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD28 ECD

<400> 35

Asn Lys Ile Leu Val Lys Gln Ser Pro Met Leu Val Ala Tyr Asp Asn

1 5 10 15

Ala Val Asn Leu Ser Cys Lys Tyr Ser Tyr Asn Leu Phe Ser Arg Glu

20 25 30

Phe Arg Ala Ser Leu His Lys Gly Leu Asp Ser Ala Val Glu Val Cys

35 40 45

Val Val Tyr Gly Asn Tyr Ser Gln Gln Leu Gln Val Tyr Ser Lys Thr

50 55 60

Gly Phe Asn Cys Asp Gly Lys Leu Gly Asn Glu Ser Val Thr Phe Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Asn Leu Tyr Val Asn Gln Thr Asp Ile Tyr Phe Cys Lys Ile

85 90 95

Glu Val Met Tyr Pro Pro Pro Tyr Leu Asp Asn Glu Lys Ser Asn Gly

100 105 110

Thr Ile Ile His Val Lys Gly Lys His Leu Cys Pro Ser Pro Leu Phe

115 120 125

Pro Gly Pro Ser Lys Pro

130

<210> 36

<211> 126

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CTLA4 ECD

<400> 36

Lys Ala Met His Val Ala Gln Pro Ala Val Val Leu Ala Ser Ser Arg
1 5 10 15

Gly Ile Ala Ser Phe Val Cys Glu Tyr Ala Ser Pro Gly Lys Ala Thr
20 25 30

Glu Val Arg Val Thr Val Leu Arg Gln Ala Asp Ser Gln Val Thr Glu
35 40 45

Val Cys Ala Ala Thr Tyr Met Met Gly Asn Glu Leu Thr Phe Leu Asp
50 55 60

Asp Ser Ile Cys Thr Gly Thr Ser Ser Gly Asn Gln Val Asn Leu Thr
65 70 75 80

Ile Gln Gly Leu Arg Ala Met Asp Thr Gly Leu Tyr Ile Cys Lys Val
85 90 95

Glu Leu Met Tyr Pro Pro Pro Tyr Tyr Leu Gly Ile Gly Asn Gly Thr
100 105 110

Gln Ile Tyr Val Ile Asp Pro Glu Pro Cys Pro Asp Ser Asp
115 120 125

<210> 37

<211> 150

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> PDCD1(PD-1) ECD

<400> 37

Pro Gly Trp Phe Leu Asp Ser Pro Asp Arg Pro Trp Asn Pro Pro Thr

1 5 10 15

Phe Ser Pro Ala Leu Leu Val Val Thr Glu Gly Asp Asn Ala Thr Phe
20 25 30

Thr Cys Ser Phe Ser Asn Thr Ser Glu Ser Phe Val Leu Asn Trp Tyr
35 40 45

Arg Met Ser Pro Ser Asn Gln Thr Asp Lys Leu Ala Ala Phe Pro Glu
50 55 60

Asp Arg Ser Gln Pro Gly Gln Asp Cys Arg Phe Arg Val Thr Gln Leu

65 70 75 80
Pro Asn Gly Arg Asp Phe His Met Ser Val Val Arg Ala Arg Arg Asn
 85 90 95
Asp Ser Gly Thr Tyr Leu Cys Gly Ala Ile Ser Leu Ala Pro Lys Ala
 100 105 110
Gln Ile Lys Glu Ser Leu Arg Ala Glu Leu Arg Val Thr Glu Arg Arg
 115 120 125
Ala Glu Val Pro Thr Ala His Pro Ser Pro Ser Pro Arg Pro Ala Gly

130 135 140
Gln Phe Gln Thr Leu Val
145 150
<210> 38
<211> 120
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<220><221> MISC_FEATURE
<223> ICOS ECD
<400> 38

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

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

Pro Pro Phe Lys Val Thr Leu Thr Gly Gly Tyr Leu His Ile Tyr Glu

100 105 110

Ser Gln Leu Cys Cys Gln Leu Lys

115 120

<210> 39

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> BTLA(CD272) ECD

<400> 39

Lys Glu Ser Cys Asp Val Gln Leu Tyr Ile Lys Arg Gln Ser Glu His

1 5 10 15

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

20 25 30

Cys Ala Asn Arg Pro His Val Thr Trp Cys Lys Leu Asn Gly Thr Thr

35 40 45

Cys Val Lys Leu Glu Asp Arg Gln Thr Ser Trp Lys Glu Glu Lys Asn

50 55 60

Ile Ser Phe Phe Ile Leu His Phe Glu Pro Val Leu Pro Asn Asp Asn

65 70 75 80

Gly Ser Tyr Arg Cys Ser Ala Asn Phe Gln Ser Asn Leu Ile Glu Ser

85 90 95

His Ser Thr Thr Leu Tyr Val Thr Asp Val Lys Ser Ala Ser Glu Arg

100 105 110

Pro Ser Lys Asp Glu Met Ala Ser Arg Pro Trp Leu Leu Tyr Arg

115 120 125

<210> 40

<211> 371

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD4 ECD

<400> 40

Lys Lys Val Val Leu Gly Lys Lys Gly Asp Thr Val Glu Leu Thr Cys

1 5 10 15

Thr Ala Ser Gln Lys Lys Ser Ile Gln Phe His Trp Lys Asn Ser Asn

20 25 30

Gln Ile Lys Ile Leu Gly Asn Gln Gly Ser Phe Leu Thr Lys Gly Pro

35 40 45

Ser Lys Leu Asn Asp Arg Ala Asp Ser Arg Arg Ser Leu Trp Asp Gln

50 55 60

Gly Asn Phe Pro Leu Ile Ile Lys Asn Leu Lys Ile Glu Asp Ser Asp

65 70 75 80

Thr Tyr Ile Cys Glu Val Glu Asp Gln Lys Glu Glu Val Gln Leu Leu

85 90 95

Val Phe Gly Leu Thr Ala Asn Ser Asp Thr His Leu Leu Gln Gly Gln

100 105 110

Ser Leu Thr Leu Thr Leu Glu Ser Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Val

115 120 125

Gln Cys Arg Ser Pro Arg Gly Lys Asn Ile Gln Gly Gly Lys Thr Leu

130 135 140

Ser Val Ser Gln Leu Glu Leu Gln Asp Ser Gly Thr Trp Thr Cys Thr

145 150 155 160

Val Leu Gln Asn Gln Lys Lys Val Glu Phe Lys Ile Asp Ile Val Val

165 170 175

Leu Ala Phe Gln Lys Ala Ser Ser Ile Val Tyr Lys Lys Glu Gly Glu

180 185 190

Gln Val Glu Phe Ser Phe Pro Leu Ala Phe Thr Val Glu Lys Leu Thr

195 200 205

Gly Ser Gly Glu Leu Trp Trp Gln Ala Glu Arg Ala Ser Ser Ser Lys

210 215 220

Ser Trp Ile Thr Phe Asp Leu Lys Asn Lys Glu Val Ser Val Lys Arg

225 230 235 240
 Val Thr Gln Asp Pro Lys Leu Gln Met Gly Lys Lys Leu Pro Leu His
 245 250 255
 Leu Thr Leu Pro Gln Ala Leu Pro Gln Tyr Ala Gly Ser Gly Asn Leu
 260 265 270
 Thr Leu Ala Leu Glu Ala Lys Thr Gly Lys Leu His Gln Glu Val Asn

 275 280 285
 Leu Val Val Met Arg Ala Thr Gln Leu Gln Lys Asn Leu Thr Cys Glu
 290 295 300
 Val Trp Gly Pro Thr Ser Pro Lys Leu Met Leu Ser Leu Lys Leu Glu
 305 310 315 320
 Asn Lys Glu Ala Lys Val Ser Lys Arg Glu Lys Ala Val Trp Val Leu
 325 330 335
 Asn Pro Glu Ala Gly Met Trp Gln Cys Leu Leu Ser Asp Ser Gly Gln

 340 345 350
 Val Leu Leu Glu Ser Asn Ile Lys Val Leu Pro Thr Trp Ser Thr Pro
 355 360 365
 Val Gln Pro
 370
 <210> 41
 <211> 161
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> CD8A(CD8-alpha) ECD
 <400> 41
 Ser Gln Phe Arg Val Ser Pro Leu Asp Arg Thr Trp Asn Leu Gly Glu
 1 5 10 15
 Thr Val Glu Leu Lys Cys Gln Val Leu Leu Ser Asn Pro Thr Ser Gly

 20 25 30
 Cys Ser Trp Leu Phe Gln Pro Arg Gly Ala Ala Ala Ser Pro Thr Phe
 35 40 45

Leu Leu Tyr Leu Ser Gln Asn Lys Pro Lys Ala Ala Glu Gly Leu Asp
50 55 60
Thr Gln Arg Phe Ser Gly Lys Arg Leu Gly Asp Thr Phe Val Leu Thr
65 70 75 80
Leu Ser Asp Phe Arg Arg Glu Asn Glu Gly Tyr Tyr Phe Cys Ser Ala
85 90 95
Leu Ser Asn Ser Ile Met Tyr Phe Ser His Phe Val Pro Val Phe Leu
100 105 110
Pro Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala
115 120 125
Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Cys Arg
130 135 140
Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly Leu Asp Phe Ala Cys
145 150 155 160
Asp

<210> 42

<211> 149

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD8B(CD8-beta) ECD

<400> 42

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

65 70 75 80
 Asn Leu Thr Ser Val Lys Pro Glu Asp Ser Gly Ile Tyr Phe Cys Met
 85 90 95
 Ile Val Gly Ser Pro Glu Leu Thr Phe Gly Lys Gly Thr Gln Leu Ser

 100 105 110
 Val Val Asp Phe Leu Pro Thr Thr Ala Gln Pro Thr Lys Lys Ser Thr
 115 120 125
 Leu Lys Lys Arg Val Cys Arg Leu Pro Arg Pro Glu Thr Gln Lys Gly
 130 135 140
 Pro Leu Cys Ser Pro
 145

<210> 43

<211> 422

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> LAG3 ECD

<400> 43

Val Pro Val Val Trp Ala Gln Glu Gly Ala Pro Ala Gln Leu Pro Cys

1 5 10 15
 Ser Pro Thr Ile Pro Leu Gln Asp Leu Ser Leu Leu Arg Arg Ala Gly
 20 25 30
 Val Thr Trp Gln His Gln Pro Asp Ser Gly Pro Pro Ala Ala Ala Pro
 35 40 45
 Gly His Pro Leu Ala Pro Gly Pro His Pro Ala Ala Pro Ser Ser Trp
 50 55 60
 Gly Pro Arg Pro Arg Arg Tyr Thr Val Leu Ser Val Gly Pro Gly Gly

65 70 75 80
 Leu Arg Ser Gly Arg Leu Pro Leu Gln Pro Arg Val Gln Leu Asp Glu
 85 90 95
 Arg Gly Arg Gln Arg Gly Asp Phe Ser Leu Trp Leu Arg Pro Ala Arg
 100 105 110

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

355 360 365
Trp Leu Glu Ala Gln Glu Ala Gln Leu Leu Ser Gln Pro Trp Gln Cys
370 375 380
Gln Leu Tyr Gln Gly Glu Arg Leu Leu Gly Ala Ala Val Tyr Phe Thr

385 390 395 400
Glu Leu Ser Ser Pro Gly Ala Gln Arg Ser Gly Arg Ala Pro Gly Ala
405 410 415
Leu Pro Ala Gly His Leu

420

<210> 44

<211> 181

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> HAVCR2(TIM-3) ECD

<400> 44

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

20 25 30
Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly Asn Val Val Leu Arg

35 40 45
Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser Arg Tyr Trp Leu Asn

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

65 70 75 80
Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile

85 90 95
Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val Ile Lys Pro Ala Lys

100 105 110
Val Thr Pro Ala Pro Thr Arg Gln Arg Asp Phe Thr Ala Ala Phe Pro

115 120 125

Arg Met Leu Thr Thr Arg Gly His Gly Pro Ala Glu Thr Gln Thr Leu
130 135 140
Gly Ser Leu Pro Asp Ile Asn Leu Thr Gln Ile Ser Thr Leu Ala Asn
145 150 155 160
Glu Leu Arg Asp Ser Arg Leu Ala Asn Asp Leu Arg Asp Ser Gly Ala
165 170 175
Thr Ile Arg Ile Gly
180
<210> 45
<211> 394
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<220><221> MISC_FEATURE
<223> CEACAM1 ECD
<400> 45
Gln Leu Thr Thr Glu Ser Met Pro Phe Asn Val Ala Glu Gly Lys Glu
1 5 10 15
Val Leu Leu Leu Val His Asn Leu Pro Gln Gln Leu Phe Gly Tyr Ser
20 25 30
Trp Tyr Lys Gly Glu Arg Val Asp Gly Asn Arg Gln Ile Val Gly Tyr
35 40 45
Ala Ile Gly Thr Gln Gln Ala Thr Pro Gly Pro Ala Asn Ser Gly Arg
50 55 60
Glu Thr Ile Tyr Pro Asn Ala Ser Leu Leu Ile Gln Asn Val Thr Gln
65 70 75 80
Asn Asp Thr Gly Phe Tyr Thr Leu Gln Val Ile Lys Ser Asp Leu Val
85 90 95
Asn Glu Glu Ala Thr Gly Gln Phe His Val Tyr Pro Glu Leu Pro Lys
100 105 110
Pro Ser Ile Ser Ser Asn Asn Ser Asn Pro Val Glu Asp Lys Asp Ala
115 120 125
Val Ala Phe Thr Cys Glu Pro Glu Thr Gln Asp Thr Thr Tyr Leu Trp

130 135 140
 Trp Ile Asn Asn Gln Ser Leu Pro Val Ser Pro Arg Leu Gln Leu Ser

 145 150 155 160
 Asn Gly Asn Arg Thr Leu Thr Leu Leu Ser Val Thr Arg Asn Asp Thr

 165 170 175
 Gly Pro Tyr Glu Cys Glu Ile Gln Asn Pro Val Ser Ala Asn Arg Ser

 180 185 190
 Asp Pro Val Thr Leu Asn Val Thr Tyr Gly Pro Asp Thr Pro Thr Ile

 195 200 205
 Ser Pro Ser Asp Thr Tyr Tyr Arg Pro Gly Ala Asn Leu Ser Leu Ser

 210 215 220
 Cys Tyr Ala Ala Ser Asn Pro Pro Ala Gln Tyr Ser Trp Leu Ile Asn

 225 230 235 240
 Gly Thr Phe Gln Gln Ser Thr Gln Glu Leu Phe Ile Pro Asn Ile Thr

 245 250 255
 Val Asn Asn Ser Gly Ser Tyr Thr Cys His Ala Asn Asn Ser Val Thr

 260 265 270
 Gly Cys Asn Arg Thr Thr Val Lys Thr Ile Ile Val Thr Glu Leu Ser

 275 280 285
 Pro Val Val Ala Lys Pro Gln Ile Lys Ala Ser Lys Thr Thr Val Thr

 290 295 300
 Gly Asp Lys Asp Ser Val Asn Leu Thr Cys Ser Thr Asn Asp Thr Gly

 305 310 315 320
 Ile Ser Ile Arg Trp Phe Phe Lys Asn Gln Ser Leu Pro Ser Ser Glu

 325 330 335
 Arg Met Lys Leu Ser Gln Gly Asn Thr Thr Leu Ser Ile Asn Pro Val

 340 345 350
 Lys Arg Glu Asp Ala Gly Thr Tyr Trp Cys Glu Val Phe Asn Pro Ile

 355 360 365
 Ser Lys Asn Gln Ser Asp Pro Ile Met Leu Asn Val Asn Tyr Asn Ala

 370 375 380

Leu Pro Gln Glu Asn Gly Leu Ser Pro Gly

385 390

<210> 46

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> TIGIT ECD

<400> 46

Met Met Thr Gly Thr Ile Glu Thr Thr Gly Asn Ile Ser Ala Glu Lys

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ile Ile Leu Gln Cys His Leu Ser Ser Thr Thr Ala Gln

20 25 30

Val Thr Gln Val Asn Trp Glu Gln Gln Asp Gln Leu Leu Ala Ile Cys

35 40 45

Asn Ala Asp Leu Gly Trp His Ile Ser Pro Ser Phe Lys Asp Arg Val

50 55 60

Ala Pro Gly Pro Gly Leu Gly Leu Thr Leu Gln Ser Leu Thr Val Asn

65 70 75 80

Asp Thr Gly Glu Tyr Phe Cys Ile Tyr His Thr Tyr Pro Asp Gly Thr

85 90 95

Tyr Thr Gly Arg Ile Phe Leu Glu Val Leu Glu Ser Ser Val Ala Glu

100 105 110

His Gly Ala Arg Phe Gln Ile Pro

115 120

<210> 47

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> PVR(CD155) ECD

<400> 47

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

 50 55 60
 Ser Tyr Ser Glu Ser Lys Arg Leu Glu Phe Val Ala Ala Arg Leu Gly
 65 70 75 80
 Ala Glu Leu Arg Asn Ala Ser Leu Arg Met Phe Gly Leu Arg Val Glu
 85 90 95
 Asp Glu Gly Asn Tyr Thr Cys Leu Phe Val Thr Phe Pro Gln Gly Ser
 100 105 110
 Arg Ser Val Asp Ile Trp Leu Arg Val Leu Ala Lys Pro Gln Asn Thr

 115 120 125
 Ala Glu Val Gln Lys Val Gln Leu Thr Gly Glu Pro Val Pro Met Ala
 130 135 140
 Arg Cys Val Ser Thr Gly Gly Arg Pro Pro Ala Gln Ile Thr Trp His
 145 150 155 160
 Ser Asp Leu Gly Gly Met Pro Asn Thr Ser Gln Val Pro Gly Phe Leu
 165 170 175
 Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Ser Leu Trp Ile Leu Val Pro Ser Ser

 180 185 190
 Gln Val Asp Gly Lys Asn Val Thr Cys Lys Val Glu His Glu Ser Phe
 195 200 205
 Glu Lys Pro Gln Leu Leu Thr Val Asn Leu Thr Val Tyr Tyr Pro Pro
 210 215 220
 Glu Val Ser Ile Ser Gly Tyr Asp Asn Asn Trp Tyr Leu Gly Gln Asn
 225 230 235 240
 Glu Ala Thr Leu Thr Cys Asp Ala Arg Ser Asn Pro Glu Pro Thr Gly

245 250 255
Tyr Asn Trp Ser Thr Thr Met Gly Pro Leu Pro Pro Phe Ala Val Ala
260 265 270
Gln Gly Ala Gln Leu Leu Ile Arg Pro Val Asp Lys Pro Ile Asn Thr
275 280 285
Thr Leu Ile Cys Asn Val Thr Asn Ala Leu Gly Ala Arg Gln Ala Glu
290 295 300
Leu Thr Val Gln Val Lys Glu Gly Pro Pro Ser Glu His Ser Gly Ile

305 310 315 320
Ser Arg Asn

<210> 48

<211> 329

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> PVRL2(CD112) ECD

<400> 48

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

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

100 105 110

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

<210> 49

<211> 236

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD226 ECD

<400> 49

Glu Glu Val Leu Trp His Thr Ser Val Pro Phe Ala Glu Asn Met Ser

1 5 10 15

Leu Glu Cys Val Tyr Pro Ser Met Gly Ile Leu Thr Gln Val Glu Trp

20 25 30

Phe Lys Ile Gly Thr Gln Gln Asp Ser Ile Ala Ile Phe Ser Pro Thr

35 40 45

His Gly Met Val Ile Arg Lys Pro Tyr Ala Glu Arg Val Tyr Phe Leu

50 55 60

Asn Ser Thr Met Ala Ser Asn Asn Met Thr Leu Phe Phe Arg Asn Ala

65 70 75 80

Ser Glu Asp Asp Val Gly Tyr Tyr Ser Cys Ser Leu Tyr Thr Tyr Pro

85 90 95

Gln Gly Thr Trp Gln Lys Val Ile Gln Val Val Gln Ser Asp Ser Phe

100 105 110

Glu Ala Ala Val Pro Ser Asn Ser His Ile Val Ser Glu Pro Gly Lys

115 120 125

Asn Val Thr Leu Thr Cys Gln Pro Gln Met Thr Trp Pro Val Gln Ala

130 135 140

Val Arg Trp Glu Lys Ile Gln Pro Arg Gln Ile Asp Leu Leu Thr Tyr

145 150 155 160

Cys Asn Leu Val His Gly Arg Asn Phe Thr Ser Lys Phe Pro Arg Gln

165 170 175

Ile Val Ser Asn Cys Ser His Gly Arg Trp Ser Val Ile Val Ile Pro

180 185 190

Asp Val Thr Val Ser Asp Ser Gly Leu Tyr Arg Cys Tyr Leu Gln Ala

195 200 205

Ser Ala Gly Glu Asn Glu Thr Phe Val Met Arg Leu Thr Val Ala Glu

210 215 220

Gly Lys Thr Asp Asn Gln Tyr Thr Leu Phe Val Ala

225 230 235

<210> 50

<211> 185

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD2 ECD

<400> 50

Lys Glu Ile Thr Asn Ala Leu Glu Thr Trp Gly Ala Leu Gly Gln Asp

1 5 10 15

Ile Asn Leu Asp Ile Pro Ser Phe Gln Met Ser Asp Asp Ile Asp Asp

20 25 30

Ile Lys Trp Glu Lys Thr Ser Asp Lys Lys Lys Ile Ala Gln Phe Arg

35 40 45

Lys Glu Lys Glu Thr Phe Lys Glu Lys Asp Thr Tyr Lys Leu Phe Lys

50 55 60

Asn Gly Thr Leu Lys Ile Lys His Leu Lys Thr Asp Asp Gln Asp Ile

65 70 75 80

Tyr Lys Val Ser Ile Tyr Asp Thr Lys Gly Lys Asn Val Leu Glu Lys

85 90 95

Ile Phe Asp Leu Lys Ile Gln Glu Arg Val Ser Lys Pro Lys Ile Ser

100 105 110

Trp Thr Cys Ile Asn Thr Thr Leu Thr Cys Glu Val Met Asn Gly Thr

115 120 125

Asp Pro Glu Leu Asn Leu Tyr Gln Asp Gly Lys His Leu Lys Leu Ser

130 135 140

Gln Arg Val Ile Thr His Lys Trp Thr Thr Ser Leu Ser Ala Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Val Ser Cys Pro Glu Lys Gly Leu Asp

180 185

<210> 51

<211> 133

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD160 ECD

<400> 51

Ile Asn Ile Thr Ser Ser Ala Ser Gln Glu Gly Thr Arg Leu Asn Leu

1 5 10 15

Ile Cys Thr Val Trp His Lys Lys Glu Glu Ala Glu Gly Phe Val Val

20 25 30

Phe Leu Cys Lys Asp Arg Ser Gly Asp Cys Ser Pro Glu Thr Ser Leu

35 40 45

Lys Gln Leu Arg Leu Lys Arg Asp Pro Gly Ile Asp Gly Val Gly Glu

50 55 60

Ile Ser Ser Gln Leu Met Phe Thr Ile Ser Gln Val Thr Pro Leu His

65 70 75 80

Ser Gly Thr Tyr Gln Cys Cys Ala Arg Ser Gln Lys Ser Gly Ile Arg

85 90 95

Leu Gln Gly His Phe Phe Ser Ile Leu Phe Thr Glu Thr Gly Asn Tyr

100 105 110

Thr Val Thr Gly Leu Lys Gln Arg Gln His Leu Glu Phe Ser His Asn

115 120 125

Glu Gly Thr Leu Ser

130

<210> 52

<211> 202

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221>

> MISC_FEATURE

<223> CD200 ECD

<400> 52

Gln Val Gln Val Val Thr Gln Asp Glu Arg Glu Gln Leu Tyr Thr Pro

1 5 10 15

Ala Ser Leu Lys Cys Ser Leu Gln Asn Ala Gln Glu Ala Leu Ile Val

20 25 30

Thr Trp Gln Lys Lys Lys Ala Val Ser Pro Glu Asn Met Val Thr Phe

35 40 45

Ser Glu Asn His Gly Val Val Ile Gln Pro Ala Tyr Lys Asp Lys Ile

50 55 60

Asn Ile Thr Gln Leu Gly Leu Gln Asn Ser Thr Ile Thr Phe Trp Asn

65 70 75 80

Ile Thr Leu Glu Asp Glu Gly Cys Tyr Met Cys Leu Phe Asn Thr Phe

85 90 95

Gly Phe Gly Lys Ile Ser Gly Thr Ala Cys Leu Thr Val Tyr Val Gln

100 105 110

Pro Ile Val Ser Leu His Tyr Lys Phe Ser Glu Asp His Leu Asn Ile

115 120 125

Thr Cys Ser Ala Thr Ala Arg Pro Ala Pro Met Val Phe Trp Lys Val

130 135 140

Pro Arg Ser Gly Ile Glu Asn Ser Thr Val Thr Leu Ser His Pro Asn

145 150 155 160

Gly Thr Thr Ser Val Thr Ser Ile Leu His Ile Lys Asp Pro Lys Asn

165 170 175

Gln Val Gly Lys Glu Val Ile Cys Gln Val Leu His Leu Gly Thr Val

180 185 190

Thr Asp Phe Lys Gln Thr Val Asn Lys Gly

195 200

<210> 53

<211> 215

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD200R1(CD200R) ECD

<400> 53

Met Asp Glu Lys Gln Ile Thr Gln Asn Tyr Ser Lys Val Leu Ala Glu

1 5 10 15

Val Asn Thr Ser Trp Pro Val Lys Met Ala Thr Asn Ala Val Leu Cys

20 25 30

Cys Pro Pro Ile Ala Leu Arg Asn Leu Ile Ile Ile Thr Trp Glu Ile

35 40 45

Ile Leu Arg Gly Gln Pro Ser Cys Thr Lys Ala Tyr Arg Lys Glu Thr

50 55 60

Asn Glu Thr Lys Glu Thr Asn Cys Thr Asp Glu Arg Ile Thr Trp Val

65 70 75 80

Ser Arg Pro Asp Gln Asn Ser Asp Leu Gln Ile Arg Pro Val Ala Ile

85 90 95

Thr His Asp Gly Tyr Tyr Arg Cys Ile Met Val Thr Pro Asp Gly Asn

100 105 110

Phe His Arg Gly Tyr His Leu Gln Val Leu Val Thr Pro Glu Val Thr

115 120 125

Leu Phe Gln Asn Arg Asn Arg Thr Ala Val Cys Lys Ala Val Ala Gly

130 135 140

Lys Pro Ala Ala Gln Ile Ser Trp Ile Pro Glu Gly Asp Cys Ala Thr

145 150 155 160

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

165 170 175

His Trp Glu Val His Asn Val Ser Thr Val Thr Cys His Val Ser His

180 185 190

Leu Thr Gly Asn Lys Ser Leu Tyr Ile Glu Leu Leu Pro Val Pro Gly

195 200 205

Ala Lys Lys Ser Ala Lys Leu

210 215

<210> 54

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> NC R3 (NKp30) ECD

<400> 54

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Leu Ala Ile

20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45

Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Ser

50 55 60

Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val

65 70 75 80

Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly

85 90 95

Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu

100 105 110

His Pro Gln Leu Gly

115

<210

> 55

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v1 ECD

<400> 55

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 56

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v2 ECD

<400> 56

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

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

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 57
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v3 ECD
<400> 57
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ala Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 58
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v4 ECD
<400> 58
Val Ile His Met Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35

40

45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50

55

60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65

70

75

80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85

90

95

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

100

105

110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115

120

125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130

135

140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145

150

155

160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165

170

175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180

185

190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195

200

205

<210> 59

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v5 ECD

<400> 59

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1

5

10

15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 60

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v6 ECD

<400> 60

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Leu Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

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

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ser Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 61

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v7 ECD

<400> 61

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Pro Gly Asp Met Asn

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

 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 62
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v8 ECD
 <400> 62
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Gly Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 63

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v9 ECD

<400> 63

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 64
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v10 ECD
<400> 64
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 65
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v11 ECD
<400> 65

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

 65 70 75 80
 Ala Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

 195 200 205
 <210> 66
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v12 ECD
 <400> 66
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1	5	10	15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp			
	20	25	30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn			
	35	40	45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn			
	50	55	60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr			
65	70	75	80
Glu Cys Val Val Leu Lys Asn Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His			
	85	90	95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser			
	100	105	110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys			
	115	120	125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn			
	130	135	140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu			
145	150	155	160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr			
	165	170	175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn			
	180	185	190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn			
	195	200	205
<210> 67			
<211> 208			
<212> PRT			
<213> Artificial Sequence			
<220><223> CD80 v13 ECD			
<400> 67			
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys			

1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Ser Arg Ile Tyr Trp

 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Lys His

 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 68
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> CD80 v14 ECD
 <400> 68

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

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 69

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v15 ECD

<400> 69

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30
Gln Lys Glu Glu Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Thr Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 70
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v16 ECD
<400> 70

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 71

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v17 ECD

<400> 71

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Glu Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Ser Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 72

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v18 ECD

<400> 72

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 73

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v19 ECD

<400> 73

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Glu Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 74

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v20 ECD

<400> 74

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 75

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v21 ECD

<400> 75

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Val Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 76

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v22 ECD

<400> 76

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Met Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 77

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v23 ECD

<400> 77

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Thr Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Gly Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 78

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v24 ECD

<400> 78

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr His Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Gly Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 79

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v25 ECD

<400> 79

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile His Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Gly Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 80

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v26 ECD

<400> 80

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Ala Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 81

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v27 ECD

<400> 81

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
Leu His Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Gly Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Ala Pro Ser

100 105 110
Ile Ser Asp Leu Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 82

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v28 ECD

<400> 82

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr His Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 83

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v29 ECD

<400> 83

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 84

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v30 ECD

<400> 84

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Thr Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

	195							200										205
<210>	85																	
<211>	208																	
<212>	PRT																	
<213>	Artificial Sequence																	
<220><223>	CD80 v31 ECD																	
<400>	85																	
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys			
1				5					10					15				
Gly	His	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Trp			
			20					25					30					
Gln	Lys	Glu	Lys	Lys	Met	Val	Leu	Thr	Met	Met	Ser	Gly	Asp	Met	Asn			
	35						40					45						
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn			
	50					55					60							
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Gln	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr			
65					70					75					80			
Glu	Cys	Val	Val	Leu	Lys	Tyr	Glu	Lys	Asp	Gly	Phe	Lys	Arg	Glu	His			
			85						90				95					
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Ala	Pro	Ser			
	100							105					110					
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Ile	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Ile	Cys			
	115							120					125					
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn			
	130						135					140						
Gly	Glu	Glu	Leu	Asn	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu			
145					150					155					160			
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr			
			165						170					175				
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	His	Leu	Arg	Val	Asn			
	180								185				190					
Gln	Thr	Phe	Asn	Trp	Asn	Thr	Thr	Lys	Gln	Glu	His	Phe	Pro	Asp	Asn			

195 200 205

<210> 86

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v32 ECD

<400> 86

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

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

35 40 45

Ile Gly Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Gly Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Ala Val Leu Lys Tyr Glu Glu Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195	200	205
<210>	87	
<211>	208	
<212>	PRT	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	CD80 v33 ECD	
<400>	87	
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys		
1	5	10
Gly His Asn Val Ser Ala Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp		
	20	25
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn		
	35	40
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn		
	50	55
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr		
65	70	75
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His		
	85	90
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser		
	100	105
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Pro Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys		
	115	120
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn		
	130	135
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu		
145	150	155
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr		
	165	170
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn		
	180	185
		190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 88
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v34 ECD
<400> 88

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Val Thr Leu Phe Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile His Trp
20 25 30

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

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Leu His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195

200

205

<210> 89

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v35 ECD

<400> 89

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1

5

10

15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20

25

30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35

40

45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50

55

60

Leu Ser Phe Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65

70

75

80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Gly Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85

90

95

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

100

105

110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115

120

125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130

135

140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145

150

155

160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165

170

175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180

185

190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 90

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v36 ECD

<400> 90

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Gly Pro Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 91
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v37 ECD
 <400> 91
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Leu Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Leu Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 92

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v38 ECD

<400> 92

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 93

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v39 ECD

<400> 93

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Ser

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 94
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v40 ECD
<400> 94

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Thr Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Ser Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 95
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v41 ECD
<400> 95

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Gly Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu Arg
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Ser Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 96

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v42 ECD

<400> 96

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 97
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v43 ECD
 <400> 97
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

 65 70 75 80
 Arg Cys Val Val Ile Lys Tyr Glu Arg Leu Glu Asn Gln Gly Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 98

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v44 ECD

<400> 98

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

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

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

[illegible]

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Ser His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 100

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v46 ECD

<400> 100

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 101

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v47 ECD

<400> 101

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Gly Gln Ile Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

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

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 102

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v48 ECD

<400> 102

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Asp Arg Lys Gly Tyr Arg Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 103

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v49 ECD

<400> 103

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

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 104
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v50 ECD
 <400> 104
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30

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

 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

 165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

 180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

 195 200 205

<210> 105

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v51 ECD

<400> 105

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr His Ile His Trp

 20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Gly Met Met Ser Gly Asp Met Asn

 35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

 50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Asn Gly Glu Asn Gly Phe Lys Arg Glu His

 85 90 95

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

 100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

 115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 106

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v52 ECD

<400> 106

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

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Lys Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Ser Thr Pro Ser
 100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 107

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v53 ECD

<400> 107

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Val Ile Phe Trp

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

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Arg Cys Ile Val Ile Lys Tyr Glu Arg Leu Glu Asn Gln Gly Glu His

85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 108

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v54 ECD

<400> 108

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Met Ile Pro Ala Pro Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Glu Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190

 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 109
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v1 ECD
 <400> 109
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
 1 5 10 15
 Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

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

 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

 225 230 235
 <210> 110
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v2 ECD
 <400> 110
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
 1 5 10 15
 Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45

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

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235

<210> 111

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v3 ECD

<400> 111

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Asp Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50

55

60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
100 105 110
Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125
His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140
Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160
Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175
Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser

180 185 190
Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205
Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220
Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 112

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v4 ECD

<400> 112

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

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45
 Ile Pro Gln Tyr Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60

 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125

 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Leu Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190

 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Pro Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235

 <210> 113
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v5 ECD
 <400> 113

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Pro Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235

<210> 114

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v6 ECD

<400> 114

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Cys Pro Arg Pro Asn Val Cys Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 115
<211> 238
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ICOSL v7 ECD
<400> 115

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175

Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
180 185 190
Val Asn Ile Gly Cys Arg Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205
Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220
Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235
<210> 116
<211> 238
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ICOSL v8 ECD
<400> 116
Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15
Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45
Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
100 105 110
Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
115 120 125
His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Asp Thr Ser Ile Asn
130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175

Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220

Ala Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 117

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v9 ECD

<400> 117

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Arg Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Ala Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

 225 230 235
 <210> 118
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v10 ECD
 <400> 118
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
 1 5 10 15
 Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45

 Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Arg Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175

Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235

<210> 119

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v11 ECD

<400> 119

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

35 40 45
Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Gly Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
100 105 110
Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125
His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140
Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160
Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175
Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser

180 185 190
Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205
Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220
Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 120

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v12 ECD

<400> 120

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

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235

<210> 121

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v13 ECD

<400> 121

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235
 <210> 122
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v14 ECD
 <400> 122
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
 1 5 10 15

 Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45
 Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80

 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Pro Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140

 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser

180 185 190
Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 123

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v15 ECD

<400> 123

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
115 120 125

His Gly Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Cys Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235

<210> 124

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v16 ECD

<400> 124

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Cys Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235

<210> 125

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v17 ECD

<400> 125

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

35 40 45
 Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Arg Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

 225 230 235
 <210> 126
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v18 ECD
 <400> 126
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
 1 5 10 15
 Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

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

<210> 127

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v19 ECD

<400> 127

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

 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

 115 120 125
 Pro Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser

 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Arg Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235
 <210> 128
 <211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v20 ECD

<400> 128

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Pro Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Arg Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235
 <210> 129
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v21 ECD
 <400> 129
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

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

 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Glu Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser

180 185 190
Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205
Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220
Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235

<210> 130

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v22 ECD

<400> 130

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Asn Ser Ala Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235

<210> 131

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v23 ECD

<400> 131

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

20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45
 Ile Pro Gln Asp Ser Pro Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
115 120 125
His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140
Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160
Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175
Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
180 185 190
Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205
Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220
Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235
<210> 132
<211> 238
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ICOSL v24 ECD
<400> 132
Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15
Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45
Ile Pro Gln Lys Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175

Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Pro
195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 133

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v25 ECD

<400> 133

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

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

100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val His Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235
 <210> 134
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v26 ECD
 <400> 134
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

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

 Ile Pro Gln Asp Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110

 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Ala Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175

 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235

<210> 135

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v27 ECD

<400> 135

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Thr Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235

<210> 136

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v28 ECD

<400> 136

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Pro

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235
 <210> 137
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v29 ECD
 <400> 137
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

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

 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Ser Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

 130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val His Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Ser Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235

<210> 138

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v30 ECD

<400> 138

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
 1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Gln Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
165 170 175

Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Pro Leu Gln Gln Asn Leu
195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235

<210> 139
<211> 238
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ICOSL v31 ECD
<400> 139

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Gly Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235

<210> 140

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v32 ECD

<400> 140

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

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

 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser His Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160

 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220

 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235
 <210> 141
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> ICOSL v33 ECD
 <400> 141
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15
 Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45
 Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe Asp Cys Phe
 85 90 95
 Val Phe Ser Arg Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175
 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
 225 230 235
 <210> 142
 <211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v34 ECD

<400> 142

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe Asp Cys Phe

85 90 95

Val Phe Ser Arg Ser Leu Glu Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Ser Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

225 230 235

<210> 143

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v1 ECD

<400> 143

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Val Ala Ile

20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45

Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Val Pro Leu Ala Pro

50 55 60

Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val

65 70 75 80

Arg Gly His Asp Ala Gly Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly

85 90 95

Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu

100 105 110

His Pro Gln Leu Gly

115

<210

> 144

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v2 ECD

<400> 144

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Val Ala Ile
20 25 30
Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val
35 40 45
Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Ser
50 55 60
Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val
65 70 75 80
Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly
85 90 95
Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu
100 105 110
His Pro Gln Leu Gly
115

<210

> 145

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v3 ECD

<400> 145

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser
1 5 10 15
Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Leu Ala Ile
20 25 30
Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val
35 40 45
Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Val Pro Leu Ala Ser
50 55 60
Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val
65 70 75 80
Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly
85 90 95

Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu
 100 105 110

His Pro Gln Leu Gly
 115

<210

> 146

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v4 ECD

<400> 146

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Leu Ala Ile

20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45

Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Pro

50 55 60

Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val

65 70 75 80

Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly

85 90 95

Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu

100 105 110

His Pro Gln Leu Gly

115

<210

> 147

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v5 ECD

<400> 147

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser
1 5 10 15
Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Leu Ala Ile
20 25 30
Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val
35 40 45
Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Ser
50 55 60
Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val
65 70 75 80
Arg Gly His Asp Ala Gly Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly
85 90 95
Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu
100 105 110
His Pro Gln Leu Gly
115

<210

> 148

<211> 224

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 v1 ECD

<400> 148

Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro
1 5 10 15
Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln Ser Leu Ser Glu Leu Val Val
20 25 30
Phe Trp His Asp Gln Glu Asn Leu Val Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly
35 40 45
Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser
50 55 60
Phe Asp Ser Asp Ser Trp Thr Leu Arg Leu His Asn Leu Gln Ile Lys
65 70 75 80

Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile Leu His Lys Lys Pro Thr Gly
85 90 95
Met Ile Arg Ile His His Met Asn Ser Glu Leu Ser Val Leu Ala Asn
100 105 110
Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile Ser Asn Ile Thr Glu Asn Val
115 120 125
Tyr Ile Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ile His Gly Tyr Pro Glu Pro Lys
130 135 140
Lys Met Ser Val Leu Leu Arg Thr Lys Asn Ser Thr Ile Glu Tyr Asp
145 150 155 160
Gly Val Met Gln Lys Ser Gln Asp Asn Val Thr Glu Leu Tyr Asp Val
165 170 175
Ser Ile Ser Leu Ser Val Ser Phe Pro Asp Val Thr Ser Asn Met Thr
180 185 190
Ile Phe Cys Ile Leu Glu Thr Asp Lys Thr Arg Leu Leu Ser Ser Pro
195 200 205
Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln Pro Pro Pro Asp His Ile Pro
210 215 220
<210> 149
<211> 224
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD86 v2 ECD
<400> 149
Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro
1 5 10 15
Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln Ser Leu Ser Glu Leu Val Val
20 25 30
Phe Trp His Asp Gln Glu Asn Leu Val Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly
35 40 45
Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser
50 55 60

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

Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile His His Lys Lys Pro Thr Gly
85 90 95

Met Ile Arg Ile His Gln Met Asn Ser Glu Leu Ser Val Leu Ala Asn
100 105 110

Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile Ser Asn Ile Thr Glu Asn Val
115 120 125

Tyr Ile Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ile His Gly Tyr Pro Glu Pro Lys
130 135 140

Lys Met Ser Val Leu Leu Arg Thr Lys Asn Ser Thr Ile Glu Tyr Asp
145 150 155 160

Gly Val Met Gln Lys Ser Gln Asp Asn Val Thr Glu Leu Tyr Asp Val
165 170 175

Ser Ile Ser Leu Ser Val Ser Phe Pro Asp Val Thr Ser Asn Met Thr
180 185 190

Ile Phe Cys Ile Leu Glu Thr Asp Lys Thr Arg Leu Leu Ser Ser Pro
195 200 205

Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln Pro Pro Pro Asp His Ile Pro
210 215 220

<210> 150

<211> 224

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 v3 ECD

<400> 150

Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro
1 5 10 15

Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln Ser Leu Ser Glu Leu Val Val
20 25 30

Phe Trp Gln Asp Gln Glu Asn Leu Val Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly

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

 100 105 110
 Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile Ser Asn Ile Thr Glu Asn Val
 115 120 125
 Tyr Ile Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ile His Gly Tyr Pro Glu Pro Lys
 130 135 140
 Lys Met Ser Val Leu Leu Arg Thr Lys Asn Ser Thr Ile Glu Tyr Asp
 145 150 155 160
 Gly Val Met Gln Lys Ser Gln Asp Asn Val Thr Glu Leu Tyr Asp Val

 165 170 175
 Ser Ile Ser Leu Ser Val Ser Phe Pro Asp Val Thr Ser Asn Met Thr
 180 185 190
 Ile Phe Cys Ile Leu Glu Thr Asp Lys Thr Arg Leu Leu Ser Ser Pro
 195 200 205
 Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln Pro Pro Pro Asp His Ile Pro
 210 215 220
 <210> 151
 <211> 224
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> CD86 v4 ECD
 <400> 151
 Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro
 1 5 10 15
 Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln Ser Leu Ser Glu Leu Val Val

20 25 30
 Phe Trp Gln Asp Gln Glu Asn Leu Val Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly
 35 40 45
 Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser
 50 55 60

 Phe Asp Ser Asp Ser Trp Thr Leu Arg Leu His Asn Leu Gln Ile Lys
 65 70 75 80
 Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile His His Lys Lys Pro Thr Gly
 85 90 95
 Met Ile Arg Ile His His Met Asn Ser Glu Leu Ser Val Leu Ala Asn
 100 105 110
 Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile Ser Asn Ile Thr Glu Asn Val
 115 120 125

 Tyr Ile Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ile His Gly Tyr Pro Glu Pro Lys
 130 135 140
 Lys Met Ser Val Leu Leu Arg Thr Lys Asn Ser Thr Ile Glu Tyr Asp
 145 150 155 160
 Gly Val Met Gln Lys Ser Gln Asp Asn Val Thr Glu Leu Tyr Asp Val
 165 170 175
 Ser Ile Ser Leu Ser Val Ser Phe Pro Asp Val Thr Ser Asn Met Thr
 180 185 190

 Ile Phe Cys Ile Leu Glu Thr Asp Lys Thr Arg Leu Leu Ser Ser Pro
 195 200 205
 Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln Pro Pro Pro Asp His Ile Pro
 210 215 220
 <210> 152
 <211> 101
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 WT IgV
 <400> 152
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr
 100

<210> 153

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v1 IgV

<400> 153

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

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

100

<210

> 154

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v20 IgV

<400> 154

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 155

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v6 IgV

<400> 155

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Leu Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ser Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr
 100

<210> 156

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v7 IgV

<400> 156

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Pro Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr
 100

<210> 157

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v9 IgV

<400> 157

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 158

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v10 IgV

<400> 158

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 159

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v11 IgV

<400> 159

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
 Ala Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 160

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v12 IgV

<400> 160

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Asn Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 161

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v13 IgV

<400> 161

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Ser Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Lys His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 162

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v14 IgV

<400> 162

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Ser Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 163

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v15 IgV

<400> 163

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Glu Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Thr Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 164

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v16 IgV

<400> 164

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 165

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v17 IgV

<400> 165

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Glu Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Ser Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 166

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v19 IgV

<400> 166

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Glu Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 167

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v21 IgV

<400> 167

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 168

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v22 IgV

<400> 168

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Met Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 169

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v23 IgV

<400> 169

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Thr Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Gly Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 170

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v24 IgV

<400> 170

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr His Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Gly Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 171

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v25 IgV

<400> 171

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile His Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Gly Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 172

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v26 IgV

<400> 172

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Ala Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 173

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v27 IgV

<400> 173

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu His Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Gly Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 174

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v28 IgV

<400> 174

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr His Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 175

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v30 IgV

<400> 175

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 176

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v32 IgV

<400> 176

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

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

35 40 45

Ile Gly Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Gly Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Ala Val Leu Lys Tyr Glu Glu Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 177

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v33 IgV

<400> 177

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Ala Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 178

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v34 IgV

<400> 178

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Val Thr Leu Phe Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile His Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Gly Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 179

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v35 IgV

<400> 179

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Phe Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Gly Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 180

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v36 IgV

<400> 180

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Gly Pro Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 181

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v37 IgV

<400> 181

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Leu Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 182

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v38 IgV

<400> 182

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 183

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v40 IgV

<400> 183

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 184

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v41 IgV

<400> 184

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Gly Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu Arg

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 185

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v43 IgV

<400> 185

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Val Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Gln Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Arg Cys Val Val Ile Lys Tyr Glu Arg Leu Glu Asn Gln Gly Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 186

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v44 IgV

<400> 186

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

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

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 187

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v45 IgV

<400> 187

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 188

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v47 IgV

<400> 188

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Gly Gln Ile Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Gly Val Thr
100

<210> 189

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v48 IgV

<400> 189

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Asp Arg Lys Gly Tyr Arg Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 190

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v49 IgV

<400> 190

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Gly Gln Ile Val Met Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 191

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v50 IgV

<400> 191

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 192

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v51 IgV

<400> 192

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr His Ile His Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Gly Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Asn Gly Glu Asn Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 193

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v52 IgV

<400> 193

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Thr Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Val Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210

> 194

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v53 IgV

<400> 194

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Val Ile Phe Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Gly Lys Leu Val Leu Thr Met Gln Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Arg Cys Ile Val Ile Lys Tyr Glu Arg Leu Glu Asn Gln Gly Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr

100

<210> 195

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v54 IgV

<400> 195

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Met Ile Pro Ala Pro Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Glu Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr
100

<210> 196

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL WT IgV

<400> 196

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45

Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
100 105 110

<210> 197

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v1 IgV

<400> 197

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu

100 105 110

<210> 198

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v2 IgV

<400> 198

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu

100 105 110

<210> 199

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v3 IgV

<400> 199

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Asp Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu

100 105 110

<210> 200

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v4 IgV

<400> 200

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45

Ile Pro Gln Tyr Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
100 105 110

<210> 201

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v5 IgV

<400> 201

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95

Val Leu Ser Pro Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
100 105 110

<210> 202

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v10 IgV

<400> 202

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

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

65	70	75	80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Arg Phe His Cys Leu			
	85	90	95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu			
	100	105	110

<210> 203

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v11 IgV

<400> 203

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

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

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Gly Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
 100 105 110

<210> 204

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v12 IgV

<400> 204

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

20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45

Ile Pro Gln Tyr Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
 100 105 110

<210> 205

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v13 IgV

<400> 205

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu

100 105 110

<210> 206

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v14 IgV

<400> 206

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Pro Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu

100 105 110

<210> 207

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v22 IgV

<400> 207

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

Ile Pro Gln Asn Ser Ala Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
100 105 110

<210> 208

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v23 IgV

<400> 208

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45
Ile Pro Gln Asp Ser Pro Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
100 105 110

<210> 209

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v24 IgV

<400> 209

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15
Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45
Ile Pro Gln Lys Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
100 105 110

<210> 210

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v28 IgV

<400> 210

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

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

65	70	75	80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu			
	85	90	95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu			
	100	105	110

<210> 211

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v30 IgV

<400> 211

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

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

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Gln Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
 100 105 110

<210> 212

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v33 IgV

<400> 212

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

20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45
 Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe Asp Cys Phe

85 90 95
 Val Phe Ser Arg Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
 100 105 110

<210> 213

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v34 IgV

<400> 213

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe Asp Cys Phe

85 90 95

Val Phe Ser Arg Ser Leu Glu Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu

100 105 110

<210> 214

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> NKp30 WT IgC-like

<400> 214

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Leu Ala Ile

20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45

Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Ser

50 55 60

Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val

65 70 75 80
Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly
85 90 95

Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val
100 105

<210> 215

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v1 IgC-like

<400> 215

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

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Val Ala Ile
20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45
Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Val Pro Leu Ala Pro
50 55 60

Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val
65 70 75 80

Arg Gly His Asp Ala Gly Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly

85 90 95

Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val

100 105

<210> 216

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v2 IgC-like

<400> 216

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

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

Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Ser
50 55 60
Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val
65 70 75 80
Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly
85 90 95
Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val
100 105
<210> 217

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v3 IgC-like

<400> 217

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

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

100 105

<210> 218

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v4 IgC-like

<400> 218

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Leu Ala Ile

20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45

Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Pro

50 55 60

Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val

65 70 75 80

Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly

85 90 95

Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val

100 105

<210> 219

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v5 IgC-like

<400> 219

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Leu Ala Ile

20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45
Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Ala Pro Leu Ala Ser
50 55 60
Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val

65 70 75 80
Arg Gly His Asp Ala Gly Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly
85 90 95
Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val
100 105

<210> 220

<211> 99

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD86 WT IgV

<400> 220

Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln
1 5 10 15

Ser Leu Ser Glu Leu Val Val Phe Trp Gln Asp Gln Glu Asn Leu Val
20 25 30
Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser
35 40 45
Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser Phe Asp Ser Asp Ser Trp Thr Leu Arg
50 55 60
Leu His Asn Leu Gln Ile Lys Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile
65 70 75 80

His His Lys Lys Pro Thr Gly Met Ile Arg Ile His Gln Met Asn Ser
85 90 95
Glu Leu Ser

<210> 221

<211> 99

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 v1 IgV

<400> 221

Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln

1 5 10 15

Ser Leu Ser Glu Leu Val Val Phe Trp His Asp Gln Glu Asn Leu Val

20 25 30

Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser

35 40 45

Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser Phe Asp Ser Asp Ser Trp Thr Leu Arg

50 55 60

Leu His Asn Leu Gln Ile Lys Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile

65 70 75 80

Leu His Lys Lys Pro Thr Gly Met Ile Arg Ile His His Met Asn Ser

85 90 95

Glu Leu Ser

<210> 222

<211> 99

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 v2 IgV

<400> 222

Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln

1 5 10 15

Ser Leu Ser Glu Leu Val Val Phe Trp His Asp Gln Glu Asn Leu Val

20 25 30

Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser

35 40 45

Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser Phe Asp Ser Asp Ser Trp Thr Leu Arg

50 55 60

Leu His Asn Leu Gln Ile Lys Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile
65 70 75 80
His His Lys Lys Pro Thr Gly Met Ile Arg Ile His Gln Met Asn Ser
85 90 95
Glu Leu Ser

<210> 223

<211> 99

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 v3 IgV

<400> 223

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

Leu His Asn Leu Gln Ile Lys Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile
65 70 75 80
Leu His Lys Lys Pro Thr Gly Met Ile Arg Ile His Gln Met Asn Ser
85 90 95
Glu Leu Ser

<210> 224

<211> 99

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 v4 IgV

<400> 224

Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln

1 5 10 15

Ser Leu Ser Glu Leu Val Val Phe Trp Gln Asp Gln Glu Asn Leu Val

20 25 30

Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser

35 40 45

Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser Phe Asp Ser Asp Ser Trp Thr Leu Arg

50 55 60

Leu His Asn Leu Gln Ile Lys Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile

65 70 75 80

His His Lys Lys Pro Thr Gly Met Ile Arg Ile His His Met Asn Ser

85 90 95

Glu Leu Ser

<210> 225

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> VH signal peptide

<400> 225

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

1 5 10 15

Val Ser Ala

<210> 226

<211> 232

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<

220><221> MISC_FEATURE

<223> IgG1 Fc

<400> 226

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

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

 50 55 60
 Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
 65 70 75 80
 Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
 85 90 95
 Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
 100 105 110
 Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

 115 120 125
 Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
 130 135 140
 Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
 145 150 155 160
 Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
 165 170 175
 Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

 180 185 190
 Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
 195 200 205
 Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
 210 215 220
 Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 225 230
 <210> 227
 <211> 235
 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> IgG2 Fc

<400> 227

Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro
1 5 10 15

Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
20 25 30

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
35 40 45

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn
50 55 60

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
65 70 75 80

Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
85 90 95

Val His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
100 105 110

Asn Lys Gly Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys
115 120 125

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
130 135 140

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
145 150 155 160

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
165 170 175

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Met Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
180 185 190

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
195 200 205

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

210 215 220
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 225 230 235
 <210> 228
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> IgV-IgV linker
 <400> 228
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15
 <210> 229
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> IgV-Fc linker 1
 <400> 229
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10
 <210> 230
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> IgV-Fc linker 2
 <400> 230
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ala Ala

1 5 10
 <210> 231
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 WT linker 1
 <400> 231

Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro

1 5 10 15

<210> 232

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 WT linker 2

<400> 232

Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

1 5 10

<210> 233

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL WT linker 1

<400> 233

Val Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val

1 5 10

<210> 234

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL WT linker 2

<400> 234

Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile Thr

1 5 10 15

Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr

20 25

<210> 235

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 WT linker 1

<400> 235

Val Glu Lys Glu His Pro Gln Leu Gly

1 5

<210> 236

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 WT linker 1

<400> 236

Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe

1 5

<210> 237

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 WT linker 2

<400> 237

Val Leu Ala Asn Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile Ser Asn Ile

1 5 10 15

Thr Glu

<210> 238

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD86 WT linker 3

<400> 238

Arg Leu Leu Ser Ser Pro Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln Pro

1 5 10 15

Pro Pro Asp His Ile Pro

20

<210> 239

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v35 ECD

<400> 239

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu

85 90 95

Val Leu Ser Gln Ser Leu Glu Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro

115 120 125

His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn

130 135 140

Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser

145 150 155 160

Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg

165 170 175

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

180 185 190

Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu

195 200 205

Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile

210 215 220

Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr
225 230 235
<210> 240
<211> 111
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ICOSL v35 IgV
<400> 240
Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15
Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30
Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
35 40 45
Ile Pro Gln Ser Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60
Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80
Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95
Val Leu Ser Gln Ser Leu Glu Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu
100 105 110
<210> 241
<211> 254
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80-TIP I67T/L70Q/A91G/T120S
<400> 241
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Thr Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 Leu Leu Pro Ser Trp Ala Ile Thr Leu Ile Ser Val Asn Gly Ile Phe
 210 215 220
 Val Ile Cys Cys Leu Thr Tyr Cys Phe Ala Pro Arg Cys Arg Glu Arg
 225 230 235 240
 Arg Arg Asn Glu Arg Leu Arg Arg Glu Ser Val Arg Pro Val
 245 250
 <210> 242
 <211> 867
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220><223> CD80-TIP I67T/L70Q/A91G/T120S

<400> 242

atgggccaca cacggaggca gggaacatca ccatccaagt gtccatacct caatttcttt	60
cagctcttgg tgctggctgg tctttctcac ttctgttcag gtgttatcca cgtgaccaag	120
gaagtgaaag aagtggcaac gctgtcctgt ggtcacaatg tttctgttga agagctggca	180
caaactcgca tctactggca aaaggagaag aaaatggtgc tgactatgat gtctggggac	240
atgaatatat ggcccagta caagaaccgg accatctttg atatcactaa taacctctcc	300
acagtgatcc aagctctgcg cccatctgac gagggcacat acgagtgtgt tgttctgaag	360
tatgaaaaag acggcttcaa gcgggaacac ctggctgaag tgacgttatc agtcaaagct	420
gacttccta cacctagtat atctgacttt gaaattccat cttctaatat tagaaggata	480
atttgetcaa cctctggagg ttttcagag cctcacctct cctggttga aaatggagaa	540
gaattaaatg ccatcaaac aacagtttcc caagatcctg aaactgagct ctatgctgtt	600
agcagcaaac tggatttcaa tatgacaacc aaccacagct tcatgtgtct catcaagtat	660
ggacatttaa gagtgaatca gaccttcaac tggaatacaa ccaagcaaga gcattttcct	720
gataacctgc tcccatcctg ggccattacc ttaatctcag taaatggaat ttttgtgata	780
tgctgcctga cctactgctt tgccccaaga tgcagagaga gaaggaggaa tgagagattg	840
agaagggaaa gtgtacgcc tgtataa	867

<210> 243

<211> 284

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL-TIP N52H/I143T

<400> 243

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

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110

 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Thr Asn
 130 135 140
 Gly Tyr Pro Arg Pro Asn Val Tyr Trp Ile Asn Lys Thr Asp Asn Ser
 145 150 155 160
 Leu Leu Asp Gln Ala Leu Gln Asn Asp Thr Val Phe Leu Asn Met Arg
 165 170 175

 Gly Leu Tyr Asp Val Val Ser Val Leu Arg Ile Ala Arg Thr Pro Ser
 180 185 190
 Val Asn Ile Gly Cys Cys Ile Glu Asn Val Leu Leu Gln Gln Asn Leu
 195 200 205
 Thr Val Gly Ser Gln Thr Gly Asn Asp Ile Gly Glu Arg Asp Lys Ile
 210 215 220
 Thr Glu Asn Pro Val Ser Thr Gly Glu Lys Asn Ala Ala Thr Trp Ser
 225 230 235 240

 Ile Leu Ala Val Leu Cys Leu Leu Val Val Val Ala Val Ala Ile Gly
 245 250 255
 Trp Val Cys Arg Asp Arg Cys Leu Gln His Ser Tyr Ala Gly Ala Trp
 260 265 270
 Ala Val Ser Pro Glu Thr Glu Leu Thr Gly His Val
 275 280

 <210> 244
 <211> 909
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL-TIP N52H/I143T

<400> 244

atgcggctgg gcagtcctgg actgctcttc ctgctcttca gcagccttcg agctgataact 60

caggagaagg aagtcagagc gatggttaggc agcgacgtgg agctcagctg cgcttgccct 120

gaaggaagcc gttttgattt aaatgatgtt tacgtatatt ggcaaaccag tgagtcgaaa 180

accgtggtga cctaccacat cccacagcac agctccttgg aaaacgtgga cagccgctac 240

cggaaaccgag ccctgatgtc accggccggc atgctgcggg gcgacttctc cctgcgcttg 300

ttcaactgca cccccagga cgagcagaag ttctactgcc tgggtgttgag ccaatccctg 360

ggattccagg aggttttgag cggttaggtt aactgcatg tggcagcaaa cttcagcgtg 420

cccgtcgtca gcgccccca cagccctcc caggatgagc tcaccttcac gtgtacatcc 480

accaacggct accccaggcc caactgttac tggatcaata agacggacaa cagcctgctg 540

gaccaggctc tgcagaatga caccgtcttc ttgaacatgc ggggcttgta tgacgtggtc 600

agcgtgctga ggatgcacg gacccccagc gtgaacattg gctgctgcat agagaacgtg 660

cttctgcagc agaacctgac tgtcggcagc cagacaggaa atgacatcgg agagagagac 720

aagatcacag agaatccagt cagtaccggc gagaaaaacg cggccacgtg gagcatcctg 780

gctgtcctgt gcctgcttgt ggtcgtggcg gtggccatag gctgggtgtg cagggaccga 840

tgctccaac acagctatgc aggtgcctgg gctgtgagtc cggagacaga gctcactggc 900

cacgtttga 909

<210> 245

<211> 248

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Anti-CD19 scFv

<400> 245

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly

 100 105 110
 Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys
 115 120 125
 Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser
 130 135 140
 Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile

 165 170 175
 Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu
 180 185 190
 Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn
 195 200 205
 Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr
 210 215 220
 Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser

 225 230 235 240
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala
 245
 <210> 246
 <211> 71
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD8-derived hinge and transmembrane domain
 <400> 246
 Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr

1 5 10 15
Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Ser Arg Pro Ala
20 25 30

Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly Leu Asp Phe Ala Ser Asp Ile
35 40 45

Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser
50 55 60

Leu Val Ile Thr Leu Tyr Cys

65 70

<210> 247

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD3zeta intracellular signaling domain

<400> 247

Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Gln Gln Gly

1 5 10 15
Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr

20 25 30

Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys

35 40 45

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

50 55 60

Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg

65 70 75 80

Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala

85 90 95

Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg

100 105 110

<210> 248

<211> 1356

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> AntiCD19x8z chimeric antigen receptor

<220><221> misc_feature

<223> antiCD19x8z chimeric antigen receptor

nucleotide

<400> 248

```
atggccttac cagtgaccgc cttgctcctg ccgctggcct tgctgctcca cgccgccagg      60
ccggacatcc agatgacaca gactacatcc tccctgtctg cctctctggg agacagagtc      120
accatcagtt gcagggcaag tcaggacatt agtaaattatt taaattggta tcagcagaaa      180
ccagatggaa ctgttaaaact cctgatctac catacatcaa gattacactc aggagtccca      240
tcaaggttca gtggcagtggt gtctggaaca gattattctc tcaccattag caacctggag      300
caagaagata ttgccactta cttttgccaa cagggttaata cgcttccgta cacgttcgga      360
gggggggacta agttggaaat aacaggtctc acctctggat ccggcaagcc cggatctggc      420
```

```
gagggatcca ccaaggcgga ggtgaaactg caggagtcag gacctggcct ggtggcgccc      480
tcacagagcc tgtccgtcac atgcaactgtc tcaggggtct cattacccga ctatggtgta      540
agctggattc gccagcctcc acgaaagggt ctggagtggc tgggagtaat atgggtagt      600
gaaaccacat actataatc agctctcaaa tccagactga ccatcatcaa ggacaactcc      660
aagagccaag ttttcttaaa aatgaacagt ctgcaaaactg atgacacagc catttactac      720
tgtgccaac attattacta cgggtgtagc tatgtatgg actactgggg tcaaggaacc      780
tcagtcaccg tctcctcagc ggccgcaaag cccaccacga cgccagcgcc gcgaccacca      840
```

```
acaccggcgc ccaccatcgc gtgcagccc ctgtccctgc gccagaggc gagccggcca      900
gcggcggggg gcgcagtga cagcaggggg ctggacttcg ccagtgatat ctacatctgg      960
gcgcccctgg ccgggacttg tgggtctctt ctctgtcac tggttatcac cttttactgc      1020
agagtgaagt tcagcaggag gcgacagcc cccgcgtacc agcagggcca gaaccagctc      1080
tataacgagc tcaatctagg acgaagagag gactacgatg ttttgacaa gagacgtggc      1140
cgggaccctg agatgggggg aaagccgaga aggaagaacc ctcaggaagg cctgtacaat      1200
gaactgcaga aagataagat ggccgaggcc tacagtgaga ttgggatgaa aggcgagcgc      1260
```

```
cggaggggca aggggcacga tggcctttac cagggtctca gtacagccac caaggacacc      1320
tacgacgcc ttcacatgca ggccctgccc cctcgc      1356
```

<210> 249

<211> 63

<212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> T2A
 <400> 249
 ggcagtggcg agggcagagg aagtctgcta acatgcggtg acgtcgagga gaatcctggc 60
 cca 63
 <210> 250
 <211> 21
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> T2A
 <400> 250
 Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu
 1 5 10 15
 Glu Asn Pro Gly Pro
 20
 <210> 251
 <211> 867
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220><221> misc_feature
 <223> CD80
 <400> 251
 atgggccaca cacggaggca gggaacatca ccatccaagt gtccatacct caatttcttt 60
 cagctcttgg tgctggctgg tctttctcac ttctgttcag gtgttatcca cgtgaccaag 120
 gaagtgaaag aagtggcaac gctgtcctgt ggtcacatg tttctgttga agagctggca 180
 caaactcgca tctactggca aaaggagaag aaaatggtgc tgactatgat gtctggggac 240
 atgaatatat ggcccagagta caagaaccgg accatctttg atatcactaa taacctctcc 300
 attgtgatcc tggctctgcg cccatctgac gagggcacat acgagtgtgt tgttctgaag 360
 tatgaaaaag acgctttcaa gcgggaacac ctggctgaag tgacgttatc agtcaaagct 420
 gacttccta cacctagtat atctgacttt gaaattccaa cttctaatat tagaaggata 480
 atttgctcaa cctctggagg tttccagag cctcacctct cctggttgga aaatggagaa 540
 gaattaaatg ccatcaacac aacagtttcc caagatcctg aaactgagct ctatgctgtt 600

agcagcaaac tggatttcaa tatgacaacc aaccacagct tcatgtgtct catcaagtat 660

ggacattttaa gagtgaatca gaccttcaac tggaatacaa ccaagcaaga gcattttcct 720

gataacctgc tcccatcctg ggccattacc ttaatctcag taaatggaat ttttgtgata 780

tgctgcctga cctactgctt tgccccaaga tgcagagaga gaaggaggaa tgagagattg 840

agaagggaaa gtgtacgccc tgtataa 867

<210> 252

<211> 909

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> misc_feature

<223> ICOSL

<400> 252

atgcggctgg gcagtcctgg actgctcttc ctgctcttca gcagccttcg agctgatact 60

caggagaagg aagtcagagc gatggtaggc agcgacgtgg agctcagctg cgcttgccct 120

gaaggaagcc gttttgattt aaatgatgtt tacgtatatt ggcaaaccag tgagtcgaaa 180

accgtggtga cctaccacat cccacagaac agtccttgg aaaacgtgga cagccgctac 240

cggaaaccgag cctgatgtc accggccggc atgctgcggg gcgacttctc cctgcgcttg 300

ttcaacgtca cccccagga cgagcagaag ttactctgcc tgggtgtgag ccaatccctg 360

ggattccagg aggttttgag cgttgaggtt aactgcatg tggcagcaaa cttcagcgtg 420

cccgtcgtca gcgccccca cagccctcc caggatgagc tcaccttcac gtgtacatcc 480

ataaacggct accccaggcc caacgtgtac tggatcaata agacggacaa cagcctgctg 540

gaccaggctc tgcagaatga caccgtcttc ttgaacatgc ggggcttgta tgacgtggtc 600

agcgtgctga ggatgcacg gacccccagc gtgaacattg gctgctgcat agagaacgtg 660

cttctgcagc agaacctgac tgcggcagc cagacaggaa atgacatcgg agagagagac 720

aagatcacag agaatecagt cagtaccggc gagaaaaacg cggccacgtg gagcatcctg 780

gctgtcctgt gcctgcttgt ggtcgtggcg gtggccatag gctgggtgtg cagggaccga 840

tgctccaac acagctatgc aggtgcctgg gctgtgagtc cggagacaga gctcactggc 900

cacgtttga 909

<210> 253

<211> 254

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD80(B7-1)

<400> 253

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

Leu Leu Pro Ser Trp Ala Ile Thr Leu Ile Ser Val Asn Gly Ile Phe

210 215 220

Val Ile Cys Cys Leu Thr Tyr Cys Phe Ala Pro Arg Cys Arg Glu Arg
225 230 235 240

Arg Arg Asn Glu Arg Leu Arg Arg Glu Ser Val Arg Pro Val
245 250

<210> 254

<211> 306

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD86(B7-2)

<400> 254

Ala Pro Leu Lys Ile Gln Ala Tyr Phe Asn Glu Thr Ala Asp Leu Pro
1 5 10 15

Cys Gln Phe Ala Asn Ser Gln Asn Gln Ser Leu Ser Glu Leu Val Val
20 25 30

Phe Trp Gln Asp Gln Glu Asn Leu Val Leu Asn Glu Val Tyr Leu Gly

35 40 45

Lys Glu Lys Phe Asp Ser Val His Ser Lys Tyr Met Gly Arg Thr Ser
50 55 60

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

Asp Lys Gly Leu Tyr Gln Cys Ile Ile His His Lys Lys Pro Thr Gly
85 90 95

Met Ile Arg Ile His Gln Met Asn Ser Glu Leu Ser Val Leu Ala Asn

100 105 110

Phe Ser Gln Pro Glu Ile Val Pro Ile Ser Asn Ile Thr Glu Asn Val
115 120 125

Tyr Ile Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ile His Gly Tyr Pro Glu Pro Lys
130 135 140

Lys Met Ser Val Leu Leu Arg Thr Lys Asn Ser Thr Ile Glu Tyr Asp
145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ile Ser Leu Ser Val Ser Phe Pro Asp Val Thr Ser Asn Met Thr

180 185 190

Ile Phe Cys Ile Leu Glu Thr Asp Lys Thr Arg Leu Leu Ser Ser Pro

195 200 205

Phe Ser Ile Glu Leu Glu Asp Pro Gln Pro Pro Pro Asp His Ile Pro

210 215 220

Trp Ile Thr Ala Val Leu Pro Thr Val Ile Ile Cys Val Met Val Phe

225 230 235 240

Cys Leu Ile Leu Trp Lys Trp Lys Lys Lys Lys Arg Pro Arg Asn Ser

245 250 255

Tyr Lys Cys Gly Thr Asn Thr Met Glu Arg Glu Glu Ser Glu Gln Thr

260 265 270

Lys Lys Arg Glu Lys Ile His Ile Pro Glu Arg Ser Asp Glu Ala Gln

275 280 285

Arg Val Phe Lys Ser Ser Lys Thr Ser Ser Cys Asp Lys Ser Asp Thr

290 295 300

Cys Phe

305

<210> 255

<211> 272

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD274 (PD-L1, B7-H1)

<400> 255

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

1 5 10 15

Asn Met Thr Ile Glu Cys Lys Phe Pro Val Glu Lys Gln Leu Asp Leu

20 25 30

Ala Ala Leu Ile Val Tyr Trp Glu Met Glu Asp Lys Asn Ile Ile Gln

35 40 45

Phe Val His Gly Glu Glu Asp Leu Lys Val Gln His Ser Ser Tyr Arg

50 55 60

Gln Arg Ala Arg Leu Leu Lys Asp Gln Leu Ser Leu Gly Asn Ala Ala

65 70 75 80

Leu Gln Ile Thr Asp Val Lys Leu Gln Asp Ala Gly Val Tyr Arg Cys

85 90 95

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

100 105 110

Asn Ala Pro Tyr Asn Lys Ile Asn Gln Arg Ile Leu Val Val Asp Pro

115 120 125

Val Thr Ser Glu His Glu Leu Thr Cys Gln Ala Glu Gly Tyr Pro Lys

130 135 140

Ala Glu Val Ile Trp Thr Ser Ser Asp His Gln Val Leu Ser Gly Lys

145 150 155 160

Thr Thr Thr Thr Asn Ser Lys Arg Glu Glu Lys Leu Phe Asn Val Thr

165 170 175

Ser Thr Leu Arg Ile Asn Thr Thr Thr Asn Glu Ile Phe Tyr Cys Thr

180 185 190

Phe Arg Arg Leu Asp Pro Glu Glu Asn His Thr Ala Glu Leu Val Ile

195 200 205

Pro Glu Leu Pro Leu Ala His Pro Pro Asn Glu Arg Thr His Leu Val

210 215 220

Ile Leu Gly Ala Ile Leu Leu Cys Leu Gly Val Ala Leu Thr Phe Ile

225 230 235 240

Phe Arg Leu Arg Lys Gly Arg Met Met Asp Val Lys Lys Cys Gly Ile

245 250 255

Gln Asp Thr Asn Ser Lys Lys Gln Ser Asp Thr His Leu Glu Glu Thr

260 265 270

<210> 256

<211> 254

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature PDCD1LG2(PD-L2, CD273)

<400> 256

Leu Phe Thr Val Thr Val Pro Lys Glu Leu Tyr Ile Ile Glu His Gly

1 5 10 15
Ser Asn Val Thr Leu Glu Cys Asn Phe Asp Thr Gly Ser His Val Asn

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

35 40 45
Pro His Arg Glu Arg Ala Thr Leu Leu Glu Glu Gln Leu Pro Leu Gly

50 55 60
Lys Ala Ser Phe His Ile Pro Gln Val Gln Val Arg Asp Glu Gly Gln

65 70 75 80
Tyr Gln Cys Ile Ile Ile Tyr Gly Val Ala Trp Asp Tyr Lys Tyr Leu

85 90 95
Thr Leu Lys Val Lys Ala Ser Tyr Arg Lys Ile Asn Thr His Ile Leu

100 105 110
Lys Val Pro Glu Thr Asp Glu Val Glu Leu Thr Cys Gln Ala Thr Gly

115 120 125
Tyr Pro Leu Ala Glu Val Ser Trp Pro Asn Val Ser Val Pro Ala Asn

130 135 140
Thr Ser His Ser Arg Thr Pro Glu Gly Leu Tyr Gln Val Thr Ser Val

145 150 155 160
Leu Arg Leu Lys Pro Pro Pro Gly Arg Asn Phe Ser Cys Val Phe Trp

165 170 175
Asn Thr His Val Arg Glu Leu Thr Leu Ala Ser Ile Asp Leu Gln Ser

180 185 190
Gln Met Glu Pro Arg Thr His Pro Thr Trp Leu Leu His Ile Phe Ile

195 200 205
 Pro Phe Cys Ile Ile Ala Phe Ile Phe Ile Ala Thr Val Ile Ala Leu
 210 215 220
 Arg Lys Gln Leu Cys Gln Lys Leu Tyr Ser Ser Lys Asp Thr Thr Lys
 225 230 235 240
 Arg Pro Val Thr Thr Thr Lys Arg Glu Val Asn Ser Ala Ile
 245 250
 <210> 257
 <211> 284
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220>
 ><221> MISC_FEATURE
 <223> Mature ICOSLG(B7RP1, CD275, ICOSL, B7-H2)
 <400> 257
 Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
 1 5 10 15
 Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His
 35 40 45
 Ile Pro Gln Asn Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
 50 55 60
 Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
 65 70 75 80
 Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
 85 90 95
 Val Leu Ser Gln Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val
 100 105 110
 Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Pro Val Val Ser Ala Pro
 115 120 125
 His Ser Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ser Ile Asn
 130 135 140

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

245 250 255
 Trp Val Cys Arg Asp Arg Cys Leu Gln His Ser Tyr Ala Gly Ala Trp
 260 265 270
 Ala Val Ser Pro Glu Thr Glu Leu Thr Gly His Val
 275 280

<210> 258

<211> 506

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD276(B7-H3)

<400> 258

Leu Glu Val Gln Val Pro Glu Asp Pro Val Val Ala Leu Val Gly Thr
 1 5 10 15

Asp Ala Thr Leu Cys Cys Ser Phe Ser Pro Glu Pro Gly Phe Ser Leu
 20 25 30

Ala Gln Leu Asn Leu Ile Trp Gln Leu Thr Asp Thr Lys Gln Leu Val
 35 40 45

His Ser Phe Ala Glu Gly Gln Asp Gln Gly Ser Ala Tyr Ala Asn Arg

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

Ala Asp Glu Gly Ser Phe Thr Cys Phe Val Ser Ile Arg Asp Phe Gly
 305 310 315 320
 Ser Ala Ala Val Ser Leu Gln Val Ala Ala Pro Tyr Ser Lys Pro Ser
 325 330 335

Met Thr Leu Glu Pro Asn Lys Asp Leu Arg Pro Gly Asp Thr Val Thr
 340 345 350
 Ile Thr Cys Ser Ser Tyr Arg Gly Tyr Pro Glu Ala Glu Val Phe Trp
 355 360 365
 Gln Asp Gly Gln Gly Val Pro Leu Thr Gly Asn Val Thr Thr Ser Gln
 370 375 380
 Met Ala Asn Glu Gln Gly Leu Phe Asp Val His Ser Val Leu Arg Val
 385 390 395 400

Val Leu Gly Ala Asn Gly Thr Tyr Ser Cys Leu Val Arg Asn Pro Val
 405 410 415
 Leu Gln Gln Asp Ala His Gly Ser Val Thr Ile Thr Gly Gln Pro Met
 420 425 430
 Thr Phe Pro Pro Glu Ala Leu Trp Val Thr Val Gly Leu Ser Val Cys
 435 440 445
 Leu Ile Ala Leu Leu Val Ala Leu Ala Phe Val Cys Trp Arg Lys Ile
 450 455 460

Lys Gln Ser Cys Glu Glu Glu Asn Ala Gly Ala Glu Asp Gln Asp Gly
 465 470 475 480
 Glu Gly Glu Gly Ser Lys Thr Ala Leu Gln Pro Leu Lys His Ser Asp
 485 490 495
 Ser Lys Glu Asp Asp Gly Gln Glu Ile Ala
 500 505

<210> 259

<211> 258

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature VTCN1(B7-H4)

<400> 259

Leu Ile Ile Gly Phe Gly Ile Ser Gly Arg His Ser Ile Thr Val Thr

1 5 10 15

Thr Val Ala Ser Ala Gly Asn Ile Gly Glu Asp Gly Ile Leu Ser Cys

20 25 30

Thr Phe Glu Pro Asp Ile Lys Leu Ser Asp Ile Val Ile Gln Trp Leu

35 40 45

Lys Glu Gly Val Leu Gly Leu Val His Glu Phe Lys Glu Gly Lys Asp

50 55 60

Glu Leu Ser Glu Gln Asp Glu Met Phe Arg Gly Arg Thr Ala Val Phe

65 70 75 80

Ala Asp Gln Val Ile Val Gly Asn Ala Ser Leu Arg Leu Lys Asn Val

85 90 95

Gln Leu Thr Asp Ala Gly Thr Tyr Lys Cys Tyr Ile Ile Thr Ser Lys

100 105 110

Gly Lys Gly Asn Ala Asn Leu Glu Tyr Lys Thr Gly Ala Phe Ser Met

115 120 125

Pro Glu Val Asn Val Asp Tyr Asn Ala Ser Ser Glu Thr Leu Arg Cys

130 135 140

Glu Ala Pro Arg Trp Phe Pro Gln Pro Thr Val Val Trp Ala Ser Gln

145 150 155 160

Val Asp Gln Gly Ala Asn Phe Ser Glu Val Ser Asn Thr Ser Phe Glu

165 170 175

Leu Asn Ser Glu Asn Val Thr Met Lys Val Val Ser Val Leu Tyr Asn

180 185 190

Val Thr Ile Asn Asn Thr Tyr Ser Cys Met Ile Glu Asn Asp Ile Ala

195 200 205

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

210 215 220

Ser His Leu Gln Leu Leu Asn Ser Lys Ala Ser Leu Cys Val Ser Ser

225 230 235 240

Phe Phe Ala Ile Ser Trp Ala Leu Leu Pro Leu Ser Pro Tyr Leu Met
245 250 255

Leu Lys

<210> 260

<211> 202

<

212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD28

<400> 260

Asn Lys Ile Leu Val Lys Gln Ser Pro Met Leu Val Ala Tyr Asp Asn

1 5 10 15

Ala Val Asn Leu Ser Cys Lys Tyr Ser Tyr Asn Leu Phe Ser Arg Glu

20 25 30

Phe Arg Ala Ser Leu His Lys Gly Leu Asp Ser Ala Val Glu Val Cys

35 40 45

Val Val Tyr Gly Asn Tyr Ser Gln Gln Leu Gln Val Tyr Ser Lys Thr

50 55 60

Gly Phe Asn Cys Asp Gly Lys Leu Gly Asn Glu Ser Val Thr Phe Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Asn Leu Tyr Val Asn Gln Thr Asp Ile Tyr Phe Cys Lys Ile

85 90 95

Glu Val Met Tyr Pro Pro Pro Tyr Leu Asp Asn Glu Lys Ser Asn Gly

100 105 110

Thr Ile Ile His Val Lys Gly Lys His Leu Cys Pro Ser Pro Leu Phe

115 120 125

Pro Gly Pro Ser Lys Pro Phe Trp Val Leu Val Val Val Gly Gly Val

130 135 140

Leu Ala Cys Tyr Ser Leu Leu Val Thr Val Ala Phe Ile Ile Phe Trp

145 150 155 160

Val Arg Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met

165 170 175
Thr Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala

180 185 190
Pro Pro Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser

195 200

<210> 261

<211> 188

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CTLA4

<400> 261

Lys Ala Met His Val Ala Gln Pro Ala Val Val Leu Ala Ser Ser Arg

1 5 10 15

Gly Ile Ala Ser Phe Val Cys Glu Tyr Ala Ser Pro Gly Lys Ala Thr

20 25 30

Glu Val Arg Val Thr Val Leu Arg Gln Ala Asp Ser Gln Val Thr Glu

35 40 45

Val Cys Ala Ala Thr Tyr Met Met Gly Asn Glu Leu Thr Phe Leu Asp

50 55 60

Asp Ser Ile Cys Thr Gly Thr Ser Ser Gly Asn Gln Val Asn Leu Thr

65 70 75 80

Ile Gln Gly Leu Arg Ala Met Asp Thr Gly Leu Tyr Ile Cys Lys Val

85 90 95

Glu Leu Met Tyr Pro Pro Pro Tyr Tyr Leu Gly Ile Gly Asn Gly Thr

100 105 110

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

115 120 125

Leu Trp Ile Leu Ala Ala Val Ser Ser Gly Leu Phe Phe Tyr Ser Phe

130 135 140

Leu Leu Thr Ala Val Ser Leu Ser Lys Met Leu Lys Lys Arg Ser Pro

145 150 155 160

 Leu Thr Thr Gly Val Tyr Val Lys Met Pro Pro Thr Glu Pro Glu Cys

 165 170 175
 Glu Lys Gln Phe Gln Pro Tyr Phe Ile Pro Ile Asn

 180 185
 <210> 262
 <211> 268
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> Mature PDCD1(PD-1)
 <400> 262
 Pro Gly Trp Phe Leu Asp Ser Pro Asp Arg Pro Trp Asn Pro Pro Thr
 1 5 10 15
 Phe Ser Pro Ala Leu Leu Val Val Thr Glu Gly Asp Asn Ala Thr Phe

 20 25 30
 Thr Cys Ser Phe Ser Asn Thr Ser Glu Ser Phe Val Leu Asn Trp Tyr
 35 40 45
 Arg Met Ser Pro Ser Asn Gln Thr Asp Lys Leu Ala Ala Phe Pro Glu
 50 55 60
 Asp Arg Ser Gln Pro Gly Gln Asp Cys Arg Phe Arg Val Thr Gln Leu
 65 70 75 80
 Pro Asn Gly Arg Asp Phe His Met Ser Val Val Arg Ala Arg Arg Asn

 85 90 95
 Asp Ser Gly Thr Tyr Leu Cys Gly Ala Ile Ser Leu Ala Pro Lys Ala
 100 105 110
 Gln Ile Lys Glu Ser Leu Arg Ala Glu Leu Arg Val Thr Glu Arg Arg
 115 120 125
 Ala Glu Val Pro Thr Ala His Pro Ser Pro Ser Pro Arg Pro Ala Gly
 130 135 140
 Gln Phe Gln Thr Leu Val Val Gly Val Val Gly Gly Leu Leu Gly Ser

145 150 155 160
 Leu Val Leu Leu Val Trp Val Leu Ala Val Ile Cys Ser Arg Ala Ala
 165 170 175
 Arg Gly Thr Ile Gly Ala Arg Arg Thr Gly Gln Pro Leu Lys Glu Asp
 180 185 190
 Pro Ser Ala Val Pro Val Phe Ser Val Asp Tyr Gly Glu Leu Asp Phe
 195 200 205
 Gln Trp Arg Glu Lys Thr Pro Glu Pro Pro Val Pro Cys Val Pro Glu

 210 215 220
 Gln Thr Glu Tyr Ala Thr Ile Val Phe Pro Ser Gly Met Gly Thr Ser
 225 230 235 240
 Ser Pro Ala Arg Arg Gly Ser Ala Asp Gly Pro Arg Ser Ala Gln Pro
 245 250 255
 Leu Arg Pro Glu Asp Gly His Cys Ser Trp Pro Leu
 260 265

<210> 263

<211> 179

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature ICOS

<400> 263

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

 Ser Gln Leu Ser Asn Asn Ser Val Ser Phe Phe Leu Tyr Asn Leu Asp
 65 70 75 80

His Ser His Ala Asn Tyr Tyr Phe Cys Asn Leu Ser Ile Phe Asp Pro
85 90 95
Pro Pro Phe Lys Val Thr Leu Thr Gly Gly Tyr Leu His Ile Tyr Glu
100 105 110
Ser Gln Leu Cys Cys Gln Leu Lys Phe Trp Leu Pro Ile Gly Cys Ala
115 120 125

Ala Phe Val Val Val Cys Ile Leu Gly Cys Ile Leu Ile Cys Trp Leu
130 135 140
Thr Lys Lys Lys Tyr Ser Ser Ser Val His Asp Pro Asn Gly Glu Tyr
145 150 155 160
Met Phe Met Arg Ala Val Asn Thr Ala Lys Lys Ser Arg Leu Thr Asp
165 170 175
Val Thr Leu

<210> 264

<211> 259

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature BTLA(CD272)

<400> 264

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

Ile Ser Phe Phe Ile Leu His Phe Glu Pro Val Leu Pro Asn Asp Asn
65 70 75 80
Gly Ser Tyr Arg Cys Ser Ala Asn Phe Gln Ser Asn Leu Ile Glu Ser

85 90 95
 His Ser Thr Thr Leu Tyr Val Thr Asp Val Lys Ser Ala Ser Glu Arg
 100 105 110
 Pro Ser Lys Asp Glu Met Ala Ser Arg Pro Trp Leu Leu Tyr Arg Leu
 115 120 125

 Leu Pro Leu Gly Gly Leu Pro Leu Leu Ile Thr Thr Cys Phe Cys Leu
 130 135 140
 Phe Cys Cys Leu Arg Arg His Gln Gly Lys Gln Asn Glu Leu Ser Asp
 145 150 155 160
 Thr Ala Gly Arg Glu Ile Asn Leu Val Asp Ala His Leu Lys Ser Glu
 165 170 175
 Gln Thr Glu Ala Ser Thr Arg Gln Asn Ser Gln Val Leu Leu Ser Glu
 180 185 190

 Thr Gly Ile Tyr Asp Asn Asp Pro Asp Leu Cys Phe Arg Met Gln Glu
 195 200 205
 Gly Ser Glu Val Tyr Ser Asn Pro Cys Leu Glu Glu Asn Lys Pro Gly
 210 215 220
 Ile Val Tyr Ala Ser Leu Asn His Ser Val Ile Gly Pro Asn Ser Arg
 225 230 235 240
 Leu Ala Arg Asn Val Lys Glu Ala Pro Thr Glu Tyr Ala Ser Ile Cys
 245 250 255

Val Arg Ser

<210> 265

<211> 433

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD4

<400> 265

Lys Lys Val Val Leu Gly Lys Lys Gly Asp Thr Val Glu Leu Thr Cys
 1 5 10 15

Thr Ala Ser Gln Lys Lys Ser Ile Gln Phe His Trp Lys Asn Ser Asn
 20 25 30
 Gln Ile Lys Ile Leu Gly Asn Gln Gly Ser Phe Leu Thr Lys Gly Pro
 35 40 45

 Ser Lys Leu Asn Asp Arg Ala Asp Ser Arg Arg Ser Leu Trp Asp Gln
 50 55 60
 Gly Asn Phe Pro Leu Ile Ile Lys Asn Leu Lys Ile Glu Asp Ser Asp
 65 70 75 80
 Thr Tyr Ile Cys Glu Val Glu Asp Gln Lys Glu Glu Val Gln Leu Leu
 85 90 95
 Val Phe Gly Leu Thr Ala Asn Ser Asp Thr His Leu Leu Gln Gly Gln
 100 105 110

 Ser Leu Thr Leu Thr Leu Glu Ser Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Val
 115 120 125
 Gln Cys Arg Ser Pro Arg Gly Lys Asn Ile Gln Gly Gly Lys Thr Leu
 130 135 140
 Ser Val Ser Gln Leu Glu Leu Gln Asp Ser Gly Thr Trp Thr Cys Thr
 145 150 155 160
 Val Leu Gln Asn Gln Lys Lys Val Glu Phe Lys Ile Asp Ile Val Val
 165 170 175

 Leu Ala Phe Gln Lys Ala Ser Ser Ile Val Tyr Lys Lys Glu Gly Glu
 180 185 190
 Gln Val Glu Phe Ser Phe Pro Leu Ala Phe Thr Val Glu Lys Leu Thr
 195 200 205
 Gly Ser Gly Glu Leu Trp Trp Gln Ala Glu Arg Ala Ser Ser Ser Lys
 210 215 220
 Ser Trp Ile Thr Phe Asp Leu Lys Asn Lys Glu Val Ser Val Lys Arg
 225 230 235 240

 Val Thr Gln Asp Pro Lys Leu Gln Met Gly Lys Lys Leu Pro Leu His
 245 250 255
 Leu Thr Leu Pro Gln Ala Leu Pro Gln Tyr Ala Gly Ser Gly Asn Leu

260 265 270
 Thr Leu Ala Leu Glu Ala Lys Thr Gly Lys Leu His Gln Glu Val Asn
 275 280 285
 Leu Val Val Met Arg Ala Thr Gln Leu Gln Lys Asn Leu Thr Cys Glu
 290 295 300

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

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

Ile

<210> 266

<211> 214

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD8A(CD8-alpha)

<400> 266

Ser Gln Phe Arg Val Ser Pro Leu Asp Arg Thr Trp Asn Leu Gly Glu
 1 5 10 15

Thr Val Glu Leu Lys Cys Gln Val Leu Leu Ser Asn Pro Thr Ser Gly
 20 25 30
 Cys Ser Trp Leu Phe Gln Pro Arg Gly Ala Ala Ala Ser Pro Thr Phe
 35 40 45

 Leu Leu Tyr Leu Ser Gln Asn Lys Pro Lys Ala Ala Glu Gly Leu Asp
 50 55 60
 Thr Gln Arg Phe Ser Gly Lys Arg Leu Gly Asp Thr Phe Val Leu Thr
 65 70 75 80
 Leu Ser Asp Phe Arg Arg Glu Asn Glu Gly Tyr Tyr Phe Cys Ser Ala
 85 90 95
 Leu Ser Asn Ser Ile Met Tyr Phe Ser His Phe Val Pro Val Phe Leu
 100 105 110

 Pro Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala
 115 120 125
 Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Cys Arg
 130 135 140
 Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly Leu Asp Phe Ala Cys
 145 150 155 160
 Asp Ile Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly Thr Cys Gly Val Leu Leu
 165 170 175

 Leu Ser Leu Val Ile Thr Leu Tyr Cys Asn His Arg Asn Arg Arg Arg
 180 185 190
 Val Cys Lys Cys Pro Arg Pro Val Val Lys Ser Gly Asp Lys Pro Ser
 195 200 205
 Leu Ser Ala Arg Tyr Val
 210
 <210> 267
 <211> 189
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> Mature CD8B(CD8-beta)

<400> 267

Leu Gln Gln Thr Pro Ala Tyr Ile Lys Val Gln Thr Asn Lys Met Val

1 5 10 15

Met Leu Ser Cys Glu Ala Lys Ile Ser Leu Ser Asn Met Arg Ile Tyr

20 25 30

Trp Leu Arg Gln Arg Gln Ala Pro Ser Ser Asp Ser His His Glu Phe

35 40 45

Leu Ala Leu Trp Asp Ser Ala Lys Gly Thr Ile His Gly Glu Glu Val

50 55 60

Glu Gln Glu Lys Ile Ala Val Phe Arg Asp Ala Ser Arg Phe Ile Leu

65 70 75 80

Asn Leu Thr Ser Val Lys Pro Glu Asp Ser Gly Ile Tyr Phe Cys Met

85 90 95

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

100 105 110

Val Val Asp Phe Leu Pro Thr Thr Ala Gln Pro Thr Lys Lys Ser Thr

115 120 125

Leu Lys Lys Arg Val Cys Arg Leu Pro Arg Pro Glu Thr Gln Lys Gly

130 135 140

Pro Leu Cys Ser Pro Ile Thr Leu Gly Leu Leu Val Ala Gly Val Leu

145 150 155 160

Val Leu Leu Val Ser Leu Gly Val Ala Ile His Leu Cys Cys Arg Arg

165 170 175

Arg Arg Ala Arg Leu Arg Phe Met Lys Gln Phe Tyr Lys

180 185

<210> 268

<211> 497

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature LAG3

<400> 268

Val Pro Val Val Trp Ala Gln Glu Gly Ala Pro Ala Gln Leu Pro Cys

1 5 10 15

Ser Pro Thr Ile Pro Leu Gln Asp Leu Ser Leu Leu Arg Arg Ala Gly

20 25 30

Val Thr Trp Gln His Gln Pro Asp Ser Gly Pro Pro Ala Ala Ala Pro

35 40 45

Gly His Pro Leu Ala Pro Gly Pro His Pro Ala Ala Pro Ser Ser Trp

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Gly Arg Gln Arg Gly Asp Phe Ser Leu Trp Leu Arg Pro Ala Arg

100 105 110

Arg Ala Asp Ala Gly Glu Tyr Arg Ala Ala Val His Leu Arg Asp Arg

115 120 125

Ala Leu Ser Cys Arg Leu Arg Leu Arg Leu Gly Gln Ala Ser Met Thr

130 135 140

Ala Ser Pro Pro Gly Ser Leu Arg Ala Ser Asp Trp Val Ile Leu Asn

145 150 155 160

Cys Ser Phe Ser Arg Pro Asp Arg Pro Ala Ser Val His Trp Phe Arg

165 170 175

Asn Arg Gly Gln Gly Arg Val Pro Val Arg Glu Ser Pro His His His

180 185 190

Leu Ala Glu Ser Phe Leu Phe Leu Pro Gln Val Ser Pro Met Asp Ser

195 200 205

Gly Pro Trp Gly Cys Ile Leu Thr Tyr Arg Asp Gly Phe Asn Val Ser

210 215 220

Ile Met Tyr Asn Leu Thr Val Leu Gly Leu Glu Pro Pro Thr Pro Leu

225 230 235 240

Thr Val Tyr Ala Gly Ala Gly Ser Arg Val Gly Leu Pro Cys Arg Leu

245	250	255
Pro Ala Gly Val Gly Thr Arg Ser Phe Leu Thr Ala Lys Trp Thr Pro		
260	265	270
Pro Gly Gly Gly Pro Asp Leu Leu Val Thr Gly Asp Asn Gly Asp Phe		
275	280	285
Thr Leu Arg Leu Glu Asp Val Ser Gln Ala Gln Ala Gly Thr Tyr Thr		
290	295	300
Cys His Ile His Leu Gln Glu Gln Gln Leu Asn Ala Thr Val Thr Leu		
305	310	315
		320
Ala Ile Ile Thr Val Thr Pro Lys Ser Phe Gly Ser Pro Gly Ser Leu		
325	330	335
Gly Lys Leu Leu Cys Glu Val Thr Pro Val Ser Gly Gln Glu Arg Phe		
340	345	350
Val Trp Ser Ser Leu Asp Thr Pro Ser Gln Arg Ser Phe Ser Gly Pro		
355	360	365
Trp Leu Glu Ala Gln Glu Ala Gln Leu Leu Ser Gln Pro Trp Gln Cys		
370	375	380
Gln Leu Tyr Gln Gly Glu Arg Leu Leu Gly Ala Ala Val Tyr Phe Thr		
385	390	395
		400
Glu Leu Ser Ser Pro Gly Ala Gln Arg Ser Gly Arg Ala Pro Gly Ala		
405	410	415
Leu Pro Ala Gly His Leu Leu Leu Phe Leu Ile Leu Gly Val Leu Ser		
420	425	430
Leu Leu Leu Leu Val Thr Gly Ala Phe Gly Phe His Leu Trp Arg Arg		
435	440	445
Gln Trp Arg Pro Arg Arg Phe Ser Ala Leu Glu Gln Gly Ile His Pro		
450	455	460
Pro Gln Ala Gln Ser Lys Ile Glu Glu Leu Glu Gln Glu Pro Glu Pro		
465	470	475
		480
Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Pro Glu Glu Gln		
485	490	495

Leu

<210> 269

<211> 280

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature HAVCR2(TIM-3)

<400> 269

Ser Glu Val Glu Tyr Arg Ala Glu Val Gly Gln Asn Ala Tyr Leu Pro

1 5 10 15

Cys Phe Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu Val Pro Val Cys Trp

20 25 30

Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly Asn Val Val Leu Arg

35 40 45

Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser Arg Tyr Trp Leu Asn

50 55 60

Gly Asp Phe Arg Lys Gly Asp Val Ser Leu Thr Ile Glu Asn Val Thr

65 70 75 80

Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile

85 90 95

Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val Ile Lys Pro Ala Lys

100 105 110

Val Thr Pro Ala Pro Thr Arg Gln Arg Asp Phe Thr Ala Ala Phe Pro

115 120 125

Arg Met Leu Thr Thr Arg Gly His Gly Pro Ala Glu Thr Gln Thr Leu

130 135 140

Gly Ser Leu Pro Asp Ile Asn Leu Thr Gln Ile Ser Thr Leu Ala Asn

145 150 155 160

Glu Leu Arg Asp Ser Arg Leu Ala Asn Asp Leu Arg Asp Ser Gly Ala

165 170 175

Thr Ile Arg Ile Gly Ile Tyr Ile Gly Ala Gly Ile Cys Ala Gly Leu

[illegible]

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

Arg Met Lys Leu Ser Gln Gly Asn Thr Thr Leu Ser Ile Asn Pro Val

340 345 350
Lys Arg Glu Asp Ala Gly Thr Tyr Trp Cys Glu Val Phe Asn Pro Ile
355 360 365
Ser Lys Asn Gln Ser Asp Pro Ile Met Leu Asn Val Asn Tyr Asn Ala
370 375 380
Leu Pro Gln Glu Asn Gly Leu Ser Pro Gly Ala Ile Ala Gly Ile Val
385 390 395 400
Ile Gly Val Val Ala Leu Val Ala Leu Ile Ala Val Ala Leu Ala Cys

405 410 415
Phe Leu His Phe Gly Lys Thr Gly Arg Ala Ser Asp Gln Arg Asp Leu
420 425 430
Thr Glu His Lys Pro Ser Val Ser Asn His Thr Gln Asp His Ser Asn
435 440 445
Asp Pro Pro Asn Lys Met Asn Glu Val Thr Tyr Ser Thr Leu Asn Phe
450 455 460
Glu Ala Gln Gln Pro Thr Gln Pro Thr Ser Ala Ser Pro Ser Leu Thr

465 470 475 480
Ala Thr Glu Ile Ile Tyr Ser Glu Val Lys Lys Gln
485 490

<210> 271

<211> 222

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature TIGIT

<400> 271

Met Thr Gly Thr Ile Glu Thr Thr Gly Asn Ile Ser Ala Glu Lys Gly
1 5 10 15
Gly Ser Ile Ile Leu Gln Cys His Leu Ser Ser Thr Thr Ala Gln Val
20 25 30

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

Thr Gly Arg Ile Phe Leu Glu Val Leu Glu Ser Ser Val Ala Glu His
 100 105 110
 Gly Ala Arg Phe Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ala Met Ala Ala Thr Leu
 115 120 125
 Val Val Ile Cys Thr Ala Val Ile Val Val Val Ala Leu Thr Arg Lys
 130 135 140
 Lys Lys Ala Leu Arg Ile His Ser Val Glu Gly Asp Leu Arg Arg Lys
 145 150 155 160

Ser Ala Gly Gln Glu Glu Trp Ser Pro Ser Ala Pro Ser Pro Pro Gly
 165 170 175
 Ser Cys Val Gln Ala Glu Ala Ala Pro Ala Gly Leu Cys Gly Glu Gln
 180 185 190
 Arg Gly Glu Asp Cys Ala Glu Leu His Asp Tyr Phe Asn Val Leu Ser
 195 200 205
 Tyr Arg Ser Leu Gly Asn Cys Ser Phe Phe Thr Glu Thr Gly
 210 215 220

<210> 272

<211> 397

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature PVR(CD155)

<400> 272

Trp Pro Pro Pro Gly Thr Gly Asp Val Val Val Gln Ala Pro Thr Gln

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

Tyr Asn Trp Ser Thr Thr Met Gly Pro Leu Pro Pro Phe Ala Val Ala
 260 265 270
 Gln Gly Ala Gln Leu Leu Ile Arg Pro Val Asp Lys Pro Ile Asn Thr
 275 280 285
 Thr Leu Ile Cys Asn Val Thr Asn Ala Leu Gly Ala Arg Gln Ala Glu
 290 295 300

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

 Ser Ala Ser Ala Asn Gly His Val Ser Tyr Ser Ala Val Ser Arg Glu
 370 375 380
 Asn Ser Ser Ser Gln Asp Pro Gln Thr Glu Gly Thr Arg
 385 390 395
 <210> 273
 <211> 507
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> Mature PVRL2(CD112)
 <400> 273
 Gln Asp Val Arg Val Gln Val Leu Pro Glu Val Arg Gly Gln Leu Gly
 1 5 10 15
 Gly Thr Val Glu Leu Pro Cys His Leu Leu Pro Pro Val Pro Gly Leu

 20 25 30
 Tyr Ile Ser Leu Val Thr Trp Gln Arg Pro Asp Ala Pro Ala Asn His
 35 40 45
 Gln Asn Val Ala Ala Phe His Pro Lys Met Gly Pro Ser Phe Pro Ser

50 55 60
 Pro Lys Pro Gly Ser Glu Arg Leu Ser Phe Val Ser Ala Lys Gln Ser
 65 70 75 80
 Thr Gly Gln Asp Thr Glu Ala Glu Leu Gln Asp Ala Thr Leu Ala Leu

 85 90 95
 His Gly Leu Thr Val Glu Asp Glu Gly Asn Tyr Thr Cys Glu Phe Ala
 100 105 110
 Thr Phe Pro Lys Gly Ser Val Arg Gly Met Thr Trp Leu Arg Val Ile
 115 120 125
 Ala Lys Pro Lys Asn Gln Ala Glu Ala Gln Lys Val Thr Phe Ser Gln
 130 135 140
 Asp Pro Thr Thr Val Ala Leu Cys Ile Ser Lys Glu Gly Arg Pro Pro

 145 150 155 160
 Ala Arg Ile Ser Trp Leu Ser Ser Leu Asp Trp Glu Ala Lys Glu Thr
 165 170 175
 Gln Val Ser Gly Thr Leu Ala Gly Thr Val Thr Val Thr Ser Arg Phe
 180 185 190
 Thr Leu Val Pro Ser Gly Arg Ala Asp Gly Val Thr Val Thr Cys Lys
 195 200 205
 Val Glu His Glu Ser Phe Glu Glu Pro Ala Leu Ile Pro Val Thr Leu

 210 215 220
 Ser Val Arg Tyr Pro Pro Glu Val Ser Ile Ser Gly Tyr Asp Asp Asn
 225 230 235 240
 Trp Tyr Leu Gly Arg Thr Asp Ala Thr Leu Ser Cys Asp Val Arg Ser
 245 250 255
 Asn Pro Glu Pro Thr Gly Tyr Asp Trp Ser Thr Thr Ser Gly Thr Phe
 260 265 270
 Pro Thr Ser Ala Val Ala Gln Gly Ser Gln Leu Val Ile His Ala Val

 275 280 285
 Asp Ser Leu Phe Asn Thr Thr Phe Val Cys Thr Val Thr Asn Ala Val
 290 295 300

Gly Met Gly Arg Ala Glu Gln Val Ile Phe Val Arg Glu Thr Pro Asn
305 310 315 320
Thr Ala Gly Ala Gly Ala Thr Gly Gly Ile Ile Gly Gly Ile Ile Ala
325 330 335
Ala Ile Ile Ala Thr Ala Val Ala Ala Thr Gly Ile Leu Ile Cys Arg
340 345 350
Gln Gln Arg Lys Glu Gln Thr Leu Gln Gly Ala Glu Glu Asp Glu Asp
355 360 365
Leu Glu Gly Pro Pro Ser Tyr Lys Pro Pro Thr Pro Lys Ala Lys Leu
370 375 380
Glu Ala Gln Glu Met Pro Ser Gln Leu Phe Thr Leu Gly Ala Ser Glu
385 390 395 400
His Ser Pro Leu Lys Thr Pro Tyr Phe Asp Ala Gly Ala Ser Cys Thr
405 410 415
Glu Gln Glu Met Pro Arg Tyr His Glu Leu Pro Thr Leu Glu Glu Arg
420 425 430
Ser Gly Pro Leu His Pro Gly Ala Thr Ser Leu Gly Ser Pro Ile Pro
435 440 445
Val Pro Pro Gly Pro Pro Ala Val Glu Asp Val Ser Leu Asp Leu Glu
450 455 460
Asp Glu Glu Gly Glu Glu Glu Glu Tyr Leu Asp Lys Ile Asn Pro
465 470 475 480
Ile Tyr Asp Ala Leu Ser Tyr Ser Ser Pro Ser Asp Ser Tyr Gln Gly
485 490 495
Lys Gly Phe Val Met Ser Arg Ala Met Tyr Val
500 505
<210> 274
<211> 318
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<220><221> MISC_FEATURE
<223> Mature CD226

<400> 274

Glu Glu Val Leu Trp His Thr Ser Val Pro Phe Ala Glu Asn Met Ser
1 5 10 15

Leu Glu Cys Val Tyr Pro Ser Met Gly Ile Leu Thr Gln Val Glu Trp
20 25 30

Phe Lys Ile Gly Thr Gln Gln Asp Ser Ile Ala Ile Phe Ser Pro Thr
35 40 45

His Gly Met Val Ile Arg Lys Pro Tyr Ala Glu Arg Val Tyr Phe Leu
50 55 60

Asn Ser Thr Met Ala Ser Asn Asn Met Thr Leu Phe Phe Arg Asn Ala
65 70 75 80

Ser Glu Asp Asp Val Gly Tyr Tyr Ser Cys Ser Leu Tyr Thr Tyr Pro
85 90 95

Gln Gly Thr Trp Gln Lys Val Ile Gln Val Val Gln Ser Asp Ser Phe
100 105 110

Glu Ala Ala Val Pro Ser Asn Ser His Ile Val Ser Glu Pro Gly Lys
115 120 125

Asn Val Thr Leu Thr Cys Gln Pro Gln Met Thr Trp Pro Val Gln Ala
130 135 140

Val Arg Trp Glu Lys Ile Gln Pro Arg Gln Ile Asp Leu Leu Thr Tyr
145 150 155 160

Cys Asn Leu Val His Gly Arg Asn Phe Thr Ser Lys Phe Pro Arg Gln
165 170 175

Ile Val Ser Asn Cys Ser His Gly Arg Trp Ser Val Ile Val Ile Pro
180 185 190

Asp Val Thr Val Ser Asp Ser Gly Leu Tyr Arg Cys Tyr Leu Gln Ala
195 200 205

Ser Ala Gly Glu Asn Glu Thr Phe Val Met Arg Leu Thr Val Ala Glu
210 215 220

Gly Lys Thr Asp Asn Gln Tyr Thr Leu Phe Val Ala Gly Gly Thr Val
225 230 235 240

Leu Leu Leu Leu Phe Val Ile Ser Ile Thr Thr Ile Ile Val Ile Phe
 245 250 255
 Leu Asn Arg Arg Arg Arg Arg Glu Arg Arg Asp Leu Phe Thr Glu Ser
 260 265 270

 Trp Asp Thr Gln Lys Ala Pro Asn Asn Tyr Arg Ser Pro Ile Ser Thr
 275 280 285
 Ser Gln Pro Thr Asn Gln Ser Met Asp Asp Thr Arg Glu Asp Ile Tyr
 290 295 300
 Val Asn Tyr Pro Thr Phe Ser Arg Arg Pro Lys Thr Arg Val
 305 310 315
 <210> 275
 <211> 327
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <220><221> MISC_FEATURE
 <223> Mature CD2
 <400> 275
 Lys Glu Ile Thr Asn Ala Leu Glu Thr Trp Gly Ala Leu Gly Gln Asp

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

 65 70 75 80
 Tyr Lys Val Ser Ile Tyr Asp Thr Lys Gly Lys Asn Val Leu Glu Lys
 85 90 95
 Ile Phe Asp Leu Lys Ile Gln Glu Arg Val Ser Lys Pro Lys Ile Ser
 100 105 110
 Trp Thr Cys Ile Asn Thr Thr Leu Thr Cys Glu Val Met Asn Gly Thr

115 120 125
Asp Pro Glu Leu Asn Leu Tyr Gln Asp Gly Lys His Leu Lys Leu Ser

130 135 140
Gln Arg Val Ile Thr His Lys Trp Thr Thr Ser Leu Ser Ala Lys Phe

145 150 155 160
Lys Cys Thr Ala Gly Asn Lys Val Ser Lys Glu Ser Ser Val Glu Pro

165 170 175
Val Ser Cys Pro Glu Lys Gly Leu Asp Ile Tyr Leu Ile Ile Gly Ile

180 185 190
Cys Gly Gly Gly Ser Leu Leu Met Val Phe Val Ala Leu Leu Val Phe

195 200 205
Tyr Ile Thr Lys Arg Lys Lys Gln Arg Ser Arg Arg Asn Asp Glu Glu

210 215 220
Leu Glu Thr Arg Ala His Arg Val Ala Thr Glu Glu Arg Gly Arg Lys

225 230 235 240
Pro His Gln Ile Pro Ala Ser Thr Pro Gln Asn Pro Ala Thr Ser Gln

245 250 255
His Pro Pro Pro Pro Pro Gly His Arg Ser Gln Ala Pro Ser His Arg

260 265 270
Pro Pro Pro Pro Gly His Arg Val Gln His Gln Pro Gln Lys Arg Pro

275 280 285
Pro Ala Pro Ser Gly Thr Gln Val His Gln Gln Lys Gly Pro Pro Leu

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

305 310 315 320
Ser Leu Ser Pro Ser Ser Asn

325

<210> 276

<211> 154

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD160

<400> 276

Ile Asn Ile Thr Ser Ser Ala Ser Gln Glu Gly Thr Arg Leu Asn Leu

1 5 10 15

Ile Cys Thr Val Trp His Lys Lys Glu Glu Ala Glu Gly Phe Val Val

20 25 30

Phe Leu Cys Lys Asp Arg Ser Gly Asp Cys Ser Pro Glu Thr Ser Leu

35 40 45

Lys Gln Leu Arg Leu Lys Arg Asp Pro Gly Ile Asp Gly Val Gly Glu

50 55 60

Ile Ser Ser Gln Leu Met Phe Thr Ile Ser Gln Val Thr Pro Leu His

65 70 75 80

Ser Gly Thr Tyr Gln Cys Cys Ala Arg Ser Gln Lys Ser Gly Ile Arg

85 90 95

Leu Gln Gly His Phe Phe Ser Ile Leu Phe Thr Glu Thr Gly Asn Tyr

100 105 110

Thr Val Thr Gly Leu Lys Gln Arg Gln His Leu Glu Phe Ser His Asn

115 120 125

Glu Gly Thr Leu Ser Ser Gly Phe Leu Gln Glu Lys Val Trp Val Met

130 135 140

Leu Val Thr Ser Leu Val Ala Leu Gln Ala

145 150

<210> 277

<211> 248

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD200

<400> 277

Gln Val Gln Val Val Thr Gln Asp Glu Arg Glu Gln Leu Tyr Thr Pro

1 5 10 15

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

<210> 278

<211> 297

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature CD200R1(CD200R)

<400> 278

Met Asp Glu Lys Gln Ile Thr Gln Asn Tyr Ser Lys Val Leu Ala Glu

1 5 10 15

Val Asn Thr Ser Trp Pro Val Lys Met Ala Thr Asn Ala Val Leu Cys

20 25 30

Cys Pro Pro Ile Ala Leu Arg Asn Leu Ile Ile Ile Thr Trp Glu Ile

35 40 45

Ile Leu Arg Gly Gln Pro Ser Cys Thr Lys Ala Tyr Arg Lys Glu Thr

50 55 60

Asn Glu Thr Lys Glu Thr Asn Cys Thr Asp Glu Arg Ile Thr Trp Val

65 70 75 80

Ser Arg Pro Asp Gln Asn Ser Asp Leu Gln Ile Arg Pro Val Ala Ile

85 90 95

Thr His Asp Gly Tyr Tyr Arg Cys Ile Met Val Thr Pro Asp Gly Asn

100 105 110

Phe His Arg Gly Tyr His Leu Gln Val Leu Val Thr Pro Glu Val Thr

115 120 125

Leu Phe Gln Asn Arg Asn Arg Thr Ala Val Cys Lys Ala Val Ala Gly

130 135 140

Lys Pro Ala Ala Gln Ile Ser Trp Ile Pro Glu Gly Asp Cys Ala Thr

145 150 155 160

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

165 170 175

His Trp Glu Val His Asn Val Ser Thr Val Thr Cys His Val Ser His

180 185 190

Leu Thr Gly Asn Lys Ser Leu Tyr Ile Glu Leu Leu Pro Val Pro Gly

195 200 205

Ala Lys Lys Ser Ala Lys Leu Tyr Ile Pro Tyr Ile Ile Leu Thr Ile
 210 215 220
 Ile Ile Leu Thr Ile Val Gly Phe Ile Trp Leu Leu Lys Val Asn Gly
 225 230 235 240
 Cys Arg Lys Tyr Lys Leu Asn Lys Thr Glu Ser Thr Pro Val Val Glu
 245 250 255

Glu Asp Glu Met Gln Pro Tyr Ala Ser Tyr Thr Glu Lys Asn Asn Pro
 260 265 270
 Leu Tyr Asp Thr Thr Asn Lys Val Lys Ala Ser Glu Ala Leu Gln Ser
 275 280 285
 Glu Val Asp Thr Asp Leu His Thr Leu
 290 295

<210> 279

<211> 183

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> Mature NC R3 (NKp30)

<400> 279

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

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

65 70 75 80
 Arg Gly His Asp Ala Ser Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly
 85 90 95
 Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu

100 105 110
His Pro Gln Leu Gly Ala Gly Thr Val Leu Leu Leu Arg Ala Gly Phe
115 120 125
Tyr Ala Val Ser Phe Leu Ser Val Ala Val Gly Ser Thr Val Tyr Tyr

130 135 140
Gln Gly Lys Cys Leu Thr Trp Lys Gly Pro Arg Arg Gln Leu Pro Ala
145 150 155 160
Val Val Pro Ala Pro Leu Pro Pro Pro Cys Gly Ser Ser Ala His Leu
165 170 175
Leu Pro Pro Val Pro Gly Gly
180

<210> 280

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v55 ECD

<400> 280

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 281

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v56 ECD

<400> 281

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 282
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v57 ECD
<400> 282

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 283
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v58 ECD
<400> 283

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Arg Val Leu Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Thr Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 284

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v59 ECD

<400> 284

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

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

100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 285

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v60 ECD

<400> 285

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly Arg Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Glu Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser

100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 286

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v61 ECD

<400> 286

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

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

100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Gly Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Val Thr Thr

165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 287

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v62 ECD

<400> 287

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 288

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v63 ECD

<400> 288

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 289
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v64 ECD
 <400> 289
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 290

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v65 ECD

<400> 290

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 291

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v66ECD

<400> 291

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

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125

 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190

 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

 <210> 292
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v67 ECD
 <400> 292

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

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

85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Leu Pro Thr Pro Ser

 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 293
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v68 ECD
 <400> 293
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 294

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v69 ECD

<400> 294

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 295
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v70 ECD
<400> 295
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 296

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v71 ECD

<400> 296

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65					70					75					80
Val	Cys	Val	Val	Arg	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Thr	Pro	Val	Leu	Glu	His
				85					90					95	
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser
				100					105					110	
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Ile	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Thr	Tyr
				115					120					125	
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn

130				135				140							
Gly	Glu	Glu	Leu	Asn	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu
145				150				155				160			
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr
				165				170				175			
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	Asp	Leu	Arg	Val	Asn
180								185				190			
Gln	Thr	Phe	Asn	Trp	Asn	Thr	Thr	Lys	Gln	Glu	His	Phe	Pro	Asp	Asn

195 200 205

<210> 297

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v72 ECD

<400> 297

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65				70				75				80			
Val	Cys	Val	Val	Arg	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Thr	Pro	Val	Phe	Glu	His
				85				90				95			
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser
100								105				110			
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Ile	Pro	Thr	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Ile	Cys
115								120				125			
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn
130								135				140			
Gly	Glu	Glu	Leu	Asn	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu
145				150				155				160			
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Glu	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr
				165				170				175			
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	His	Leu	Arg	Val	Asn
180								185				190			
Gln	Thr	Phe	Asn	Trp	Asn	Thr	Thr	Lys	Gln	Glu	His	Phe	Pro	Asp	Asn
195								200				205			
<210>		298													
<211>		208													
<212>		PRT													
<213>		Artificial Sequence													
<220><223>		CD80 v73 ECD													
<400>		298													
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys
1				5				10				15			
Gly	Leu	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Asp	Ile	Leu	Trp
				20				25				30			
His	Lys	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Asn
35								40				45			
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn
50								55				60			
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

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

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 299

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v74 ECD

<400> 299

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 300

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v75 ECD

<400> 300

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

35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Ile Leu Glu His
 85 90 95
 Arg Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 301
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v76 ECD
 <400> 301
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Ile Leu Glu His
85 90 95

Arg Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Ser Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 302

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v77 ECD

<400> 302

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 303
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v78 ECD
 <400> 303
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30

 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Asn Thr Asn Asn

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

 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Ala Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160

 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

 <210> 304
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v79 ECD
 <400> 304

 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Ala Pro Val Phe Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

 195 200 205
 <210> 305
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v80 ECD
 <400> 305
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Ser Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Ala Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 306

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v81 ECD

<400> 306

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Ser Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 307
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v82 ECD
<400> 307
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Ser Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 308

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v83 ECD

<400> 308

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Ser
1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

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

100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 309

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v84 ECD

<400> 309

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

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

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 310

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v85 ECD

<400> 310

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

35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Gly Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Leu Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 311

<211> 207

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v86 ECD

<400> 311

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

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

 Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser Ile
 100 105 110
 Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys Ser
 115 120 125
 Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn Gly
 130 135 140
 Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu Thr
 145 150 155 160

 Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr Asn
 165 170 175
 His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn Gln
 180 185 190
 Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

 <210> 312
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v87 ECD
 <400> 312
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Ser Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 313
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v88 ECD
<400> 313
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35

40

45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50

55

60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65

70

75

80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85

90

95

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

100

105

110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115

120

125

Leu Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130

135

140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145

150

155

160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165

170

175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180

185

190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195

200

205

<210> 314

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v89 ECD

<400> 314

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Glu Arg Ser Gly Asn Ala Val Leu

1

5

10

15

Trp Tyr Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Cys Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Gly Ala Phe Lys Arg Glu His

 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asp Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 315
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> CD80 v90 ECD
 <400> 315
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Met Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60

 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125

 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190

 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 316
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v91 ECD
 <400> 316
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

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

 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 317
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v92 ECD
 <400> 317
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly His Asn Val Pro Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Ile
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Ala Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe His Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Leu Ile Cys
115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Ile Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 318

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v93 ECD

<400> 318

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Leu Ser Asp Glu Gly Thr Asn
65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Arg Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 319
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v94 ECD
<400> 319
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Pro Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Leu Ser Asp Glu Gly Thr Asn

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asn Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Gly Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 320

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v95 ECD

<400> 320

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 321

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v96 ECD

<400> 321

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1	5	10	15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp			
	20	25	30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn			
	35	40	45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn			
	50	55	60
Leu Ser Ile Met Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr			
65	70	75	80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His			
	85	90	95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser			
	100	105	110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys			
	115	120	125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn			
	130	135	140
Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu			
145	150	155	160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr			
	165	170	175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Ser Val Asn			
	180	185	190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn			
	195	200	205
<210> 322			
<211> 208			
<212> PRT			
<213> Artificial Sequence			
<220><223> CD80 v97 ECD			
<400> 322			
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys			

1 5 10 15
 Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Leu Ser Asp Glu Gly Thr Asn
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Ser Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 323
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> CD80 v98 ECD
 <400> 323

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

Leu Ser Ile Met Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Gly Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Thr Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Ile Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn Arg Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asp
 180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 324

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v99 ECD

<400> 324

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Phe Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Val Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Gly Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Gln Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 325
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v100 ECD
<400> 325

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Ala Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Met Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 326

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v101 ECD

<400> 326

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Ser

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Phe Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Ile Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 327

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v102 ECD

<400> 327

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Ala Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Met Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Gly Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Asp Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 328

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v103 ECD

<400> 328

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
Pro Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 329

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v104 ECD

<400> 329

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Pro Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 330

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v105 ECD

<400> 330

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Thr Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 331

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v106 ECD

<400> 331

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile His Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Pro Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 332

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v107 ECD

<400> 332

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Ala Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 333

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v108 ECD

<400> 333

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Gln Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 334

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v109 ECD

<400> 334

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 335

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v110 ECD

<400> 335

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Ala Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Ile Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 336

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v111 ECD

<400> 336

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Gly Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
Leu Ser Ile Ala Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95
Arg Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser

100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys His Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 337

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v112 ECD

<400> 337

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Thr Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Ser Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 338

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v113 ECD

<400> 338

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Ile Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Leu Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 339

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v114 ECD

<400> 339

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Ala Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

	195		200		205										
<210>	340														
<211>	208														
<212>	PRT														
<213>	Artificial Sequence														
<220><223>	CD80 v115 ECD														
<400>	340														
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys
1			5				10				15				
Gly	His	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Asp	Ile	Leu	Trp
			20				25				30				
His	Lys	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Asn
	35						40						45		
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn
	50						55					60			
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr
65					70					75					80
Val	Cys	Val	Val	Arg	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Thr	Pro	Val	Leu	Glu	His
					85					90				95	
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser
	100							105					110		
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Thr	Pro	Thr	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Ile	Cys
	115							120					125		
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn
	130							135					140		
Gly	Glu	Glu	Leu	Ser	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu
145					150					155					160
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr
			165						170					175	
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	His	Leu	Arg	Val	Asn
	180								185					190	
Gln	Thr	Phe	Asn	Trp	Asn	Thr	Thr	Lys	Gln	Glu	His	Phe	Pro	Asp	Asn

195				200				205							
<210>	341														
<211>	208														
<212>	PRT														
<213>	Artificial Sequence														
<220><223>	CD80 v116 ECD														
<400>	341														
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys
1			5						10				15		
Gly	His	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Asp	Ile	Leu	Trp
			20					25					30		
His	Lys	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Asn
		35					40					45			
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn
	50					55				60					
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr
65				70						75				80	
Val	Cys	Val	Val	Arg	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Thr	Pro	Val	Leu	Glu	His
				85				90					95		
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser
			100					105				110			
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Thr	Pro	Thr	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Ile	Cys
		115					120				125				
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn
	130					135				140					
Gly	Glu	Glu	Leu	Ser	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu
145				150					155					160	
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Ile	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr
			165					170				175			
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	His	Leu	Arg	Val	Asn
		180						185			190				
Gln	Thr	Phe	Asn	Trp	Asn	Thr	Thr	Lys	Gln	Glu	His	Phe	Pro	Asp	Asn

	195		200		205										
<210>	342														
<211>	208														
<212>	PRT														
<213>	Artificial Sequence														
<220><223>	CD80 v117 ECD														
<400>	342														
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys
1			5				10				15				
Gly	His	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Asp	Ile	Leu	Trp
			20				25				30				
His	Lys	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Asn
			35				40				45				
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn
	50					55					60				
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr
65					70					75					80
Val	Cys	Val	Val	Arg	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Thr	Pro	Val	Phe	Glu	His
					85					90				95	
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser
					100					105				110	
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Ile	Pro	Thr	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Ile	Cys
	115						120					125			
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn
	130						135					140			
Gly	Glu	Glu	Leu	Ser	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu
145					150					155				160	
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Ile	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr
					165					170				175	
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	His	Leu	Arg	Val	Asn
	180									185				190	

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 343
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v118 ECD
<400> 343

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

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

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Thr Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Arg
115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 344

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v119 ECD

<400> 344

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Arg Thr Cys Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Thr Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Pro Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Gly

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 345

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v120 ECD

<400> 345

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Pro Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Ala Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 346
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v121 ECD
 <400> 346
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Pro Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Gly Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 347

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v93 IgV

<400> 347

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Leu Ser Asp Glu Gly Thr Asn
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Arg Ala Glu Val Thr

100

<210> 348

<211> 414

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> VSIG8

<400> 348

Met Arg Val Gly Gly Ala Phe His Leu Leu Leu Val Cys Leu Ser Pro
1 5 10 15

Ala Leu Leu Ser Ala Val Arg Ile Asn Gly Asp Gly Gln Glu Val Leu
20 25 30

Tyr Leu Ala Glu Gly Asp Asn Val Arg Leu Gly Cys Pro Tyr Val Leu
35 40 45

Asp Pro Glu Asp Tyr Gly Pro Asn Gly Leu Asp Ile Glu Trp Met Gln
50 55 60

Val Asn Ser Asp Pro Ala His His Arg Glu Asn Val Phe Leu Ser Tyr
65 70 75 80

Gln Asp Lys Arg Ile Asn His Gly Ser Leu Pro His Leu Gln Gln Arg
85 90 95

Val Arg Phe Ala Ala Ser Asp Pro Ser Gln Tyr Asp Ala Ser Ile Asn
100 105 110

Leu Met Asn Leu Gln Val Ser Asp Thr Ala Thr Tyr Glu Cys Arg Val
115 120 125

Lys Lys Thr Thr Met Ala Thr Arg Lys Val Ile Val Thr Val Gln Ala
130 135 140

Arg Pro Ala Val Pro Met Cys Trp Thr Glu Gly His Met Thr Tyr Gly
145 150 155 160

Asn Asp Val Val Leu Lys Cys Tyr Ala Ser Gly Gly Ser Gln Pro Leu
165 170 175

Ser Tyr Lys Trp Ala Lys Ile Ser Gly His His Tyr Pro Tyr Arg Ala
180 185 190

Gly Ser Tyr Thr Ser Gln His Ser Tyr His Ser Glu Leu Ser Tyr Gln
195 200 205

Glu Ser Phe His Ser Ser Ile Asn Gln Gly Leu Asn Asn Gly Asp Leu
210 215 220

Val Leu Lys Asp Ile Ser Arg Ala Asp Asp Gly Leu Tyr Gln Cys Thr
225 230 235 240

Val Ala Asn Asn Val Gly Tyr Ser Val Cys Val Val Glu Val Lys Val
245 250 255

Ser Asp Ser Arg Arg Ile Gly Val Ile Ile Gly Ile Val Leu Gly Ser

	260							265							270
Leu	Leu	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Ala	Val	Gly	Ile	Trp	Gly	Leu	Val	Cys
	275						280					285			
Cys	Cys	Cys	Gly	Gly	Ser	Gly	Ala	Gly	Gly	Ala	Arg	Gly	Ala	Phe	Gly
	290					295					300				
Tyr	Gly	Asn	Gly	Gly	Gly	Val	Gly	Gly	Gly	Ala	Cys	Gly	Asp	Leu	Ala
305						310				315					320
Ser	Glu	Ile	Arg	Glu	Asp	Ala	Val	Ala	Pro	Gly	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly
				325					330					335	
Arg	Gly	Ser	Arg	Val	Thr	His	Leu	Leu	Gly	Tyr	Pro	Thr	Gln	Asn	Val
			340					345					350		
Ser	Arg	Ser	Leu	Arg	Arg	Lys	Tyr	Ala	Pro	Pro	Pro	Cys	Gly	Gly	Pro
			355				360					365			
Glu	Asp	Val	Ala	Leu	Ala	Pro	Cys	Thr	Ala	Ala	Ala	Ala	Cys	Glu	Ala
	370					375				380					
Gly	Pro	Ser	Pro	Val	Tyr	Val	Lys	Val	Lys	Ser	Ala	Glu	Pro	Ala	Asp
385					390					395					400
Cys	Ala	Glu	Gly	Pro	Val	Gln	Cys	Lys	Asn	Gly	Leu	Leu	Val		
				405					410						
<210>	349														
<211>	393														
<212>	PRT														
<213>	Homo sapiens														
<220><221>	MISC_FEATURE														
<223>	Mature VSIG8														
<400>	349														
Val	Arg	Ile	Asn	Gly	Asp	Gly	Gln	Glu	Val	Leu	Tyr	Leu	Ala	Glu	Gly
1			5				10						15		
Asp	Asn	Val	Arg	Leu	Gly	Cys	Pro	Tyr	Val	Leu	Asp	Pro	Glu	Asp	Tyr
			20				25						30		
Gly	Pro	Asn	Gly	Leu	Asp	Ile	Glu	Trp	Met	Gln	Val	Asn	Ser	Asp	Pro

35	40	45	
Ala His His Arg Glu Asn Val Phe Leu Ser Tyr Gln Asp Lys Arg Ile			
50	55	60	
Asn His Gly Ser Leu Pro His Leu Gln Gln Arg Val Arg Phe Ala Ala			
65	70	75	80
Ser Asp Pro Ser Gln Tyr Asp Ala Ser Ile Asn Leu Met Asn Leu Gln			
85	90	95	
Val Ser Asp Thr Ala Thr Tyr Glu Cys Arg Val Lys Lys Thr Thr Met			
100	105	110	
Ala Thr Arg Lys Val Ile Val Thr Val Gln Ala Arg Pro Ala Val Pro			
115	120	125	
Met Cys Trp Thr Glu Gly His Met Thr Tyr Gly Asn Asp Val Val Leu			
130	135	140	
Lys Cys Tyr Ala Ser Gly Gly Ser Gln Pro Leu Ser Tyr Lys Trp Ala			
145	150	155	160
Lys Ile Ser Gly His His Tyr Pro Tyr Arg Ala Gly Ser Tyr Thr Ser			
165	170	175	
Gln His Ser Tyr His Ser Glu Leu Ser Tyr Gln Glu Ser Phe His Ser			
180	185	190	
Ser Ile Asn Gln Gly Leu Asn Asn Gly Asp Leu Val Leu Lys Asp Ile			
195	200	205	
Ser Arg Ala Asp Asp Gly Leu Tyr Gln Cys Thr Val Ala Asn Asn Val			
210	215	220	
Gly Tyr Ser Val Cys Val Val Glu Val Lys Val Ser Asp Ser Arg Arg			
225	230	235	240
Ile Gly Val Ile Ile Gly Ile Val Leu Gly Ser Leu Leu Ala Leu Gly			
245	250	255	
Cys Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Leu Val Cys Cys Cys Cys Gly Gly			
260	265	270	
Ser Gly Ala Gly Gly Ala Arg Gly Ala Phe Gly Tyr Gly Asn Gly Gly			
275	280	285	

Gly Val Gly Gly Gly Ala Cys Gly Asp Leu Ala Ser Glu Ile Arg Glu

290 295 300

Asp Ala Val Ala Pro Gly Cys Lys Ala Ser Gly Arg Gly Ser Arg Val

305 310 315 320

Thr His Leu Leu Gly Tyr Pro Thr Gln Asn Val Ser Arg Ser Leu Arg

325 330 335

Arg Lys Tyr Ala Pro Pro Pro Cys Gly Gly Pro Glu Asp Val Ala Leu

340 345 350

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

355 360 365

Tyr Val Lys Val Lys Ser Ala Glu Pro Ala Asp Cys Ala Glu Gly Pro

370 375 380

Val Gln Cys Lys Asn Gly Leu Leu Val

385 390

<210> 350

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> VSIG8 ECD

<400> 350

Val Arg Ile Asn Gly Asp Gly Gln Glu Val Leu Tyr Leu Ala Glu Gly

1 5 10 15

Asp Asn Val Arg Leu Gly Cys Pro Tyr Val Leu Asp Pro Glu Asp Tyr

20 25 30

Gly Pro Asn Gly Leu Asp Ile Glu Trp Met Gln Val Asn Ser Asp Pro

35 40 45

Ala His His Arg Glu Asn Val Phe Leu Ser Tyr Gln Asp Lys Arg Ile

50 55 60

Asn His Gly Ser Leu Pro His Leu Gln Gln Arg Val Arg Phe Ala Ala

65 70 75 80

Ser Asp Pro Ser Gln Tyr Asp Ala Ser Ile Asn Leu Met Asn Leu Gln
85 90 95
Val Ser Asp Thr Ala Thr Tyr Glu Cys Arg Val Lys Lys Thr Thr Met
100 105 110
Ala Thr Arg Lys Val Ile Val Thr Val Gln Ala Arg Pro Ala Val Pro
115 120 125
Met Cys Trp Thr Glu Gly His Met Thr Tyr Gly Asn Asp Val Val Leu
130 135 140

Lys Cys Tyr Ala Ser Gly Gly Ser Gln Pro Leu Ser Tyr Lys Trp Ala
145 150 155 160
Lys Ile Ser Gly His His Tyr Pro Tyr Arg Ala Gly Ser Tyr Thr Ser
165 170 175
Gln His Ser Tyr His Ser Glu Leu Ser Tyr Gln Glu Ser Phe His Ser
180 185 190
Ser Ile Asn Gln Gly Leu Asn Asn Gly Asp Leu Val Leu Lys Asp Ile
195 200 205

Ser Arg Ala Asp Asp Gly Leu Tyr Gln Cys Thr Val Ala Asn Asn Val
210 215 220
Gly Tyr Ser Val Cys Val Val Glu Val Lys Val Ser Asp Ser Arg Arg
225 230 235 240
Ile Gly

<210> 351

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 Signal Peptide

<400> 351

Met Pro Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Trp Ala Gly Ala Leu Ala
1 5 10 15

<210> 352

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgGkappa light chain

<400> 352

Met Asp Met Arg Val Leu Ala Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Cys

1 5 10 15

Phe Pro Gly Ala Arg Cys

20

<210> 353

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HSA signal peptide

<400> 353

Met Lys Trp Val Thr Phe Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Ser Ser Ala

1 5 10 15

Tyr Ser

<210> 354

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ig kappa light chain

<400> 354

Met Asp Met Arg Ala Pro Ala Gly Ile Phe Gly Phe Leu Leu Val Leu

1 5 10 15

Phe Pro Gly Tyr Arg Ser

20

<210> 355

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Human azurocidin preprotein signal sequence

<400> 355

Met Thr Arg Leu Thr Val Leu Ala Leu Leu Ala Gly Leu Leu Ala Ser

1 5 10 15

Ser Arg Ala

<210> 356

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 356

Met Glu Leu Gly Leu Ser Trp Ile Phe Leu Leu Ala Ile Leu Lys Gly

1 5 10 15

Val Gln Cys

<210> 357

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 357

Met Glu Leu Gly Leu Arg Trp Val Phe Leu Val Ala Ile Leu Glu Gly

1 5 10 15

Val Gln Cys

<210> 358

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 358

Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp

1 5 10 15

Val Leu Ser

<210> 359

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 359

Met Asp Trp Thr Trp Arg Ile Leu Phe Leu Val Ala Ala Ala Thr Gly

1 5 10 15

Ala His Ser

<210> 360

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 360

Met Asp Trp Thr Trp Arg Phe Leu Phe Val Val Ala Ala Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val Gln Ser

<210> 361

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 361

Met Glu Phe Gly Leu Ser Trp Leu Phe Leu Val Ala Ile Leu Lys Gly

1 5 10 15

Val Gln Cys

<210> 362

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 362

Met Glu Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Leu Phe Arg Gly

1 5 10 15

Val Gln Cys

<210> 363

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG heavy chain signal peptide

<400> 363

Met Asp Leu Leu His Lys Asn Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu

1 5 10 15

Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp Val Leu Ser

20 25

<210> 364

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG Kappa light chain signal sequences

<400> 364

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

1 5 10 15

Leu Ser Gly Ala Arg Cys

20

<210> 365

<211> 22

<212> PRT

<213>

> Artificial Sequence

<220><223> IgG Kappa light chain signal sequences

<400> 365

Met Lys Tyr Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ala Gly Leu Leu Leu Leu Ala

1 5 10 15

Ala Gln Pro Ala Met Ala

20

<210> 366

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Gaussia luciferase

<400> 366

Met Gly Val Lys Val Leu Phe Ala Leu Ile Cys Ile Ala Val Ala Glu

1 5 10 15

Ala

<210> 367

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Human albumin

<400> 367

Met Lys Trp Val Thr Phe Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Ser Ser Ala

1 5 10 15

Tyr Ser

<210> 368

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Human chymotrypsinogen

<400> 368

Met Ala Phe Leu Trp Leu Leu Ser Cys Trp Ala Leu Leu Gly Thr Thr

1 5 10 15

Phe Gly

<210> 369

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Human interleukin-2

<400> 369

Met Gln Leu Leu Ser Cys Ile Ala Leu Ile Leu Ala Leu Val

1 5 10

<210> 370

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Human trypsinogen-2

<400> 370

Met Asn Leu Leu Leu Ile Leu Thr Phe Val Ala Ala Ala Val Ala

1 5 10 15

<210> 371

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 trailing sequence

<400> 371

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

1 5 10 15

Ile Pro

<210> 372

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><221> MISC_FEATURE

<223> CD80 IgV wildtype

<400> 372

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp

100 105

<210> 373

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v46 IgV

<400> 373

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Arg Lys Gly Tyr Arg Arg Glu His

85

90

95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp

100

105

<210> 374

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v1 IgV

<400> 374

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35

40

45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp

100

105

<210> 375

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v20 IgV

<400> 375

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
100 105

<210> 376

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v43 IgV

<400> 376

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

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Arg Cys Val Val Ile Lys Tyr Glu Arg Leu Glu Asn Gln Gly Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
100 105

<210> 377

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v44 IgV

<400> 377

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

```

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

```

```

65             70             75             80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
             85             90             95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
             100            105

```

<210> 378

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v18 IgV

<400> 378

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

```

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

```

50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Pro Val Lys Ala Asp
100 105

<210> 379

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v48 IgV

<400> 379

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Asp Arg Lys Gly Tyr Arg Arg Glu His

85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
100 105

<210> 380

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v49 IgV

<400> 380

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Gly Gln Ile Val Met Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp

100 105

<210> 381

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v50 IgV

<400> 381

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Gly Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
 100 105

<210> 382

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v53 IgV

<400> 382

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

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Arg Cys Ile Val Ile Lys Tyr Glu Arg Leu Glu Asn Gln Gly Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
 100 105

<210> 383

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v54 IgV

<400> 383

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

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

Leu Ser Ile Met Ile Pro Ala Pro Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Glu Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
100 105

<210> 384

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v93 IgV

<400> 384

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95
Arg Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
100 105

<210> 385

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v19 IgV

<400> 385

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Glu Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp
100 105

<210> 386

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v29 IgV

<400> 386

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Ser Ser Val Lys Ala Asp

100 105

<210> 387

<211> 232

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Knob Fc

<400> 387

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

65 70 75 80

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

85 90 95

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

100 105 110

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

115 120 125

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Glu Glu Met Thr

130 135 140

Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

145						150						155						160
Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr			
165					170					175								
Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr			
180					185					190								
Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	Val	Phe			
195					200					205								
Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys			
210					215					220								
Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro	Gly	Lys											
225					230													
<210>		388																
<211>		232																
<212>		PRT																
<213>		Artificial Sequence																
<220><223>		Hole Fc																
<400>		388																
Glu	Pro	Lys	Ser	Ser	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala			
1				5				10				15						
Pro	Glu	Ala	Glu	Gly	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro			
20					25					30								
Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val			
35					40					45								
Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val			
50				55				60										
Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln			
65					70					75					80			
Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln			
85					90					95								
Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala			
100					105					110								

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
 115 120 125
 Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
 130 135 140
 Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
 145 150 155 160
 Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
 165 170 175

 Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val
 180 185 190
 Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
 195 200 205
 Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
 210 215 220
 Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 225 230
 <210> 389
 <211> 232
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> Stack Fc (homodimeric)
 <400> 389
 Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
 1 5 10 15
 Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
 20 25 30
 Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
 35 40 45
 Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
 50 55 60
 Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
 65 70 75 80

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
85 90 95

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
100 105 110

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
115 120 125

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr
130 135 140

Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
145 150 155 160

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
165 170 175

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

180 185 190
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe

195 200 205
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

210 215 220
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

225 230

<210> 390

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Stuffer

<400> 390

His Met Ser Ser Val Ser Ala Gln

1 5

<210> 391

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 WT linker 1 (including first 3 aa)

<400> 391

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

1 5 10 15

Ile Pro

<210> 392

<211> 232

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Fc (C5S (C220S), R77C, (R292C), N82G (N297G), V87C (V302C))

<400> 392

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln

65 70 75 80

Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

85 90 95

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

145 150 155 160

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
165 170 175
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
180 185 190
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
195 200 205
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
210 215 220
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230
<210> 393
<211> 232
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Fc with C220S/L234A/L235E/G237A
<400> 393
Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15
Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
35 40 45
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
50 55 60
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
65 70 75 80
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
85 90 95
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
100 105 110
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
115 120 125

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
130 135 140

Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
145 150 155 160

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
165 170 175

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
180 185 190

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
195 200 205

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
210 215 220

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230

<210> 394

<211> 231

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Fc with C220S/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K

<400> 394

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 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> 395
 <211> 431
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> antiCD19x28z chimeric antigen receptor: protein
 <400> 395
 Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr
 20 25 30

 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

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

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

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

Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg
 420 425 430

<210> 396

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD8-derived signal sequence

<400> 396

Met Ala Leu Pro Val Thr Ala Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Leu Leu
 1 5 10 15

His Ala Ala Arg Pro
 20

<210> 397

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD8-derived signal sequence

<400> 397

Met Ala Leu Pro Val Thr Ala Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Leu Leu

1 5 10 15

His Ala Ala Arg Pro Gly Ser

20

<210> 398

<211> 245

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> anti-CD19 scFv (2nd gen CAR)

<400> 398

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr

20

25

30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile

35

40

45

Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50

55

60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln

65

70

75

80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr

85

90

95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly

100

105

110

Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys

115

120

125

Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser

130

135

140

Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser

145

150

155

160

Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile

165

170

175

Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu
180 185 190

Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn
195 200 205

Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr

210 215 220

Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser
225 230 235 240

Val Thr Val Ser Ser

245

<210> 399

<211> 69

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD8-derived hinge and transmembrane domain (2nd gen CAR)

<400> 399

Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro
1 5 10 15

Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Cys Arg Pro
20 25 30

Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly Leu Asp Phe Ala Cys Asp
35 40 45

Ile Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu
50 55 60

Ser Leu Val Ile Thr

65

<210> 400

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> 4-1BB-derived costimulatory domain

<400> 400

Lys Arg Gly Arg Lys Lys Leu Leu Tyr Ile Phe Lys Gln Pro Phe Met
 1 5 10 15
 Arg Pro Val Gln Thr Thr Gln Glu Glu Asp Gly Cys Ser Cys Arg Phe
 20 25 30
 Pro Glu Glu Glu Glu Gly Gly Cys Glu Leu
 35 40

<210> 401

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD28-derived costimulatory domain

<400> 401

Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met Thr Pro
 1 5 10 15
 Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro Pro
 20 25 30
 Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser
 35 40

<210> 402

<211> 41

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD28-derived costimulatory domain 2

<400> 402

Arg Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met Thr

 1 5 10 15
 Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro
 20 25 30
 Pro Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser
 35 40

<210> 403

<211> 44

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD28-derived costimulatory domain 3

<400> 403

Phe Trp Val Arg Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met

1 5 10 15

Asn Met Thr Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro

20 25 30

Tyr Ala Pro Pro Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser

35 40

<210> 404

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> T2A protein

<400> 404

Ser Gly Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu

1 5 10 15

Asn Pro Gly Pro

20

<210>

> 405

<211> 232

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Blue fluorescent protein

<400> 405

Ser Glu Leu Ile Lys Glu Asn Met His Met Lys Leu Tyr Met Glu Gly

1 5 10 15

Thr Val Asp Asn His His Phe Lys Cys Thr Ser Glu Gly Glu Gly Lys

20 25 30

Pro Tyr Glu Gly Thr Gln Thr Met Arg Ile Lys Val Val Glu Gly Gly

35 40 45

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Ala Thr Ser Phe Leu Tyr Gly

50				55				60							
Ser	Lys	Thr	Phe	Ile	Asn	His	Thr	Gln	Gly	Ile	Pro	Asp	Phe	Phe	Lys
65				70				75				80			
Gln	Ser	Phe	Pro	Glu	Gly	Phe	Thr	Trp	Glu	Arg	Val	Thr	Thr	Tyr	Glu
85				90				95							
Asp	Gly	Gly	Val	Leu	Thr	Ala	Thr	Gln	Asp	Thr	Ser	Leu	Gln	Asp	Gly
100				105				110							
Cys	Leu	Ile	Tyr	Asn	Val	Lys	Ile	Arg	Gly	Val	Asn	Phe	Thr	Ser	Asn
115				120				125							
Gly	Pro	Val	Met	Gln	Lys	Lys	Thr	Leu	Gly	Trp	Glu	Ala	Phe	Thr	Glu
130				135				140							
Thr	Leu	Tyr	Pro	Ala	Asp	Gly	Gly	Leu	Glu	Gly	Arg	Asn	Asp	Met	Ala
145				150				155				160			
Leu	Lys	Leu	Val	Gly	Gly	Ser	His	Leu	Ile	Ala	Asn	Ile	Lys	Thr	Thr
165				170				175							
Tyr	Arg	Ser	Lys	Lys	Pro	Ala	Lys	Asn	Leu	Lys	Met	Pro	Gly	Val	Tyr
180				185				190							
Tyr	Val	Asp	Tyr	Arg	Leu	Glu	Arg	Ile	Lys	Glu	Ala	Asn	Asn	Glu	Thr
195				200				205							
Tyr	Val	Glu	Gln	His	Glu	Val	Ala	Val	Ala	Arg	Tyr	Cys	Asp	Leu	Pro
210				215				220							
Ser Lys Leu Gly His Lys Leu Asn															
225				230											
<210>		406													
<211>		472													
<212>		PRT													
<213>		Artificial Sequence													
<220><223>		2nd Gen CAR (without signal sequence or T2A or BFP)													
<400>		406													
Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Thr	Thr	Ser	Ser	Leu	Ser	Ala	Ser	Leu	Gly
1				5				10				15			
Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Cys	Arg	Ala	Ser	Gln	Asp	Ile	Ser	Lys	Tyr

20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly
 100 105 110
 Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys

 115 120 125
 Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser
 130 135 140
 Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile
 165 170 175
 Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu

 180 185 190
 Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn
 195 200 205
 Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr
 210 215 220
 Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser
 225 230 235 240
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro

 245 250 255
 Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu
 260 265 270

Arg Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg
 275 280 285
 Gly Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly
 290 295 300
 Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu Val Ile Thr Met His Lys Arg

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

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

 435 440 445
 Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu
 450 455 460
 His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg
 465 470
 <210> 407
 <211> 497
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> 2nd Gen CAR with T2A
 <400> 407

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
 1 5 10 15

 Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Lys Tyr
 20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr His Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln
 65 70 75 80

 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Gly Ser Thr Ser Gly
 100 105 110
 Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr Lys Gly Glu Val Lys
 115 120 125
 Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Ala Pro Ser Gln Ser Leu Ser
 130 135 140

 Val Thr Cys Thr Val Ser Gly Val Ser Leu Pro Asp Tyr Gly Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Ile Arg Gln Pro Pro Arg Lys Gly Leu Glu Trp Leu Gly Val Ile
 165 170 175
 Trp Gly Ser Glu Thr Thr Tyr Tyr Asn Ser Ala Leu Lys Ser Arg Leu
 180 185 190
 Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn
 195 200 205

 Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr
 210 215 220
 Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser
 225 230 235 240
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro

245 250 255
 Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu
 260 265 270

Arg Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg
 275 280 285

Gly Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly
 290 295 300

Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu Val Ile Thr Met His Lys Arg
 305 310 315 320

Gly Arg Lys Lys Leu Leu Tyr Ile Phe Lys Gln Pro Phe Met Arg Pro
 325 330 335

Val Gln Thr Thr Gln Glu Glu Asp Gly Cys Ser Cys Arg Phe Pro Glu
 340 345 350

Glu Glu Glu Gly Gly Cys Glu Leu Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala
 355 360 365

Asp Ala Pro Ala Tyr Gln Gln Gly Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu
 370 375 380

Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly
 385 390 395 400

Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys Pro Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu
 405 410 415

Gly Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser
 420 425 430

Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly
 435 440 445

Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu
 450 455 460

His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg Gly Gly Arg Ser Gly Glu Gly Arg
 465 470 475 480

Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro Gly Pro Ser
 485 490 495

Arg

<210> 408

<211> 471

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 2nd Gen CAR with CD28-derived costimulatory domain (without
signal sequence or T2A or BFP)

<400> 408

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

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

65	70	75	80
Glu	Asp	Ile	Ala
Thr	Tyr	Phe	Cys
Gln	Gln	Gly	Asn
Thr	Leu	Pro	Tyr
85	90	95	
Thr	Phe	Gly	Gly
Gly	Thr	Lys	Leu
Glu	Ile	Thr	Gly
Ser	Thr	Ser	Gly
100	105	110	
Ser	Gly	Lys	Pro
Gly	Ser	Gly	Glu
Gly	Ser	Thr	Lys
Gly	Glu	Val	Lys
115	120	125	
Leu	Gln	Glu	Ser
Gly	Pro	Gly	Leu
Val	Ala	Pro	Ser
Gln	Ser	Leu	Ser

130	135	140
Val	Thr	Cys
Thr	Val	Ser
Gly	Val	Ser
Leu	Pro	Asp
Tyr	Gly	Val
Ser		
145	150	155
Trp	Ile	Arg
Gln	Pro	Pro
Arg	Lys	Gly
Leu	Glu	Trp
Leu	Gly	Val
Ile		
165	170	175
Trp	Gly	Ser
Glu	Thr	Thr
Tyr	Tyr	Asn
Ser	Ala	Leu
Lys	Ser	Arg
Leu		

180 185 190
Thr Ile Ile Lys Asp Asn Ser Lys Ser Gln Val Phe Leu Lys Met Asn

195 200 205
Ser Leu Gln Thr Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Lys His Tyr

210 215 220
Tyr Tyr Gly Gly Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser

225 230 235 240
Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro

245 250 255
Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu

260 265 270
Arg Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg

275 280 285
Gly Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly

290 295 300
Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu Val Ile Thr Met His Arg Ser

305 310 315 320
Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met Thr Pro Arg

325 330 335
Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro Pro Arg

340 345 350
Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala Asp

355 360 365
Ala Pro Ala Tyr Gln Gln Gly Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu Asn

370 375 380
Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg

385 390 395 400
Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys Pro Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly

405 410 415
Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu

420 425 430

Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu
435 440 445

Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His

450 455 460

Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg

465 470

<210> 409

<211> 270

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Nkp30 stack

<400> 409

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu
1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val
20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Tyr Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn
50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu
65 70 75 80

Arg Leu Phe Asn Val Thr Pro Gln Asp Glu Gln Lys Phe His Cys Leu
85 90 95

Val Leu Ser Pro Ser Leu Gly Phe Gln Glu Val Leu Ser Val Glu Val

100 105 110

Thr Leu His Val Ala Ala Asn Phe Ser Val Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro
130 135 140

Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe
145 150 155 160

Asn Ala Ser Gln Gly Arg Val Ala Ile Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg

165 170 175

Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe

180 185 190

Arg Gly Arg Leu Val Pro Leu Ala Pro Ser Arg Phe Leu His Asp His

195 200 205

Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val Arg Gly His Asp Ala Gly Ile

210 215 220

Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn

225 230 235 240

Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu His Pro Gln Leu Gly Gly Gly

245 250 255

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ala Ala Glu Pro Lys

260 265 270

<210> 410

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> NKp30 v1 IgC-like (long)

<400> 410

Leu Trp Val Ser Gln Pro Pro Glu Ile Arg Thr Leu Glu Gly Ser Ser

1 5 10 15

Ala Phe Leu Pro Cys Ser Phe Asn Ala Ser Gln Gly Arg Val Ala Ile

20 25 30

Gly Ser Val Thr Trp Phe Arg Asp Glu Val Val Pro Gly Lys Glu Val

35 40 45

Arg Asn Gly Thr Pro Glu Phe Arg Gly Arg Leu Val Pro Leu Ala Pro

50 55 60

Ser Arg Phe Leu His Asp His Gln Ala Glu Leu His Ile Arg Asp Val

65 70 75 80

Arg Gly His Asp Ala Gly Ile Tyr Val Cys Arg Val Glu Val Leu Gly

85 90 95
 Leu Gly Val Gly Thr Gly Asn Gly Thr Arg Leu Val Val Glu Lys Glu
 100 105 110

His Pro Gln Leu

115

<210> 411

<211> 229

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG4 Fc

<400> 411

Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser 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 Glu Met Thr Lys Asn Gln
 130 135 140

Val Ser 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> 412

<211> 229

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG4 Fc S228P

<400> 412

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 Glu Met Thr Lys Asn Gln

130 135 140
Val Ser 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> 413

<211> 232

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG1 Fc C220S

<400> 413

Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
35 40 45

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

100 105 110
 Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
 115 120 125
 Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
 130 135 140
 Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
 145 150 155 160
 Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
 165 170 175

 Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
 180 185 190
 Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
 195 200 205
 Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
 210 215 220
 Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 225 230
 <210> 414
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> CD80 v122 ECD
 <400> 414
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125

 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asp
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190

 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

 <210> 415
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v123 ECD
 <400> 415

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

 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser

 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ala Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 416
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v124 ECD
 <400> 416
 Val Ile His Met Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

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

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 417

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v125 ECD

<400> 417

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 418
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v126 ECD
 <400> 418
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30

 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

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

 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160

 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Ser
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

 <210> 419
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v127 ECD
 <400> 419

 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

 195 200 205
 <210> 420
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v128 ECD
 <400> 420
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Gly Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 421

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v129 ECD

<400> 421

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

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 422
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v130 ECD
<400> 422
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Ser Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 423

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v131 ECD

<400> 423

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

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

100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 424

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v132 ECD

<400> 424

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Ser Arg Ile Tyr Trp
 20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

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

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Lys His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Val Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Asn Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 425

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v133 ECD

<400> 425

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

35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Ser Asn

50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Thr Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 426

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v134 ECD

<400> 426

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

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

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 427
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v135 ECD
<400> 427
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asn Phe Pro Thr Pro Ser

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 428

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v136 ECD

<400> 428

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Glu Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35

40

45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Ser Asp Ile Thr Asn Asn

50

55

60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65

70

75

80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85

90

95

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

100

105

110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115

120

125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130

135

140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145

150

155

160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165

170

175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Glu Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180

185

190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195

200

205

<210> 429

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v137 ECD

<400> 429

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1

5

10

15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Val Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 430
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v138 ECD
 <400> 430
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

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

 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125

 Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu His Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
 180 185 190

 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 431
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v139 ECD
 <400> 431
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Thr Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

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

 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 432
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v140 ECD
 <400> 432
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile His Trp
 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Gly Met Leu Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Val Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 433

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v141 ECD

<400> 433

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
His Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Gly Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Ala Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Leu Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 434
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v142 ECD
<400> 434
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr His Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Gly Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asn Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 435

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v143 ECD

<400> 435

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asn Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

 195 200 205
 <210> 436
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v144 ECD
 <400> 436
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1	5	10	15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp			
	20	25	30
Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn			
	35	40	45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn			
	50	55	60
Leu Ser Thr Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr			
65	70	75	80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His			
	85	90	95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser			
	100	105	110
Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys			
	115	120	125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn			
	130	135	140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu			
145	150	155	160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr			
	165	170	175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn			
	180	185	190
Gln Thr Phe His Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn			
	195	200	205
<210> 437			
<211> 208			
<212> PRT			
<213> Artificial Sequence			
<220><223> CD80 v145 ECD			
<400> 437			
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys			

1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

 20 25 30
 Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Ala Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 438
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><223> CD80 v146 ECD
 <400> 438

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

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Gly Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Ala Val Leu Lys Tyr Glu Glu Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Val Ile Cys
 115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 439

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v147 ECD

<400> 439

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Val Thr Leu Phe Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile His Trp
20 25 30
Gln Lys Glu Lys Lys Leu Val Leu Gly Met Leu Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asn Ala Phe Lys Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Leu His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asp Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205
<210> 440
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v148 ECD
<400> 440

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Phe Val Ile Arg Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Gly Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 441

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v149 ECD

<400> 441

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Gly Pro Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 442

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v150 ECD

<400> 442

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Leu Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 443

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v151 ECD

<400> 443

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Asp Arg Lys Gly Tyr Arg Arg Glu His
85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Ser Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Ser His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 444

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v152 ECD

<400> 444

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Gly Gln Ile Val Met Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 445

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v153 ECD

<400> 445

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Gly Lys Met Val Met Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 446

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v154 ECD

<400> 446

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 447

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v155 ECD

<400> 447

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 448

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v156 ECD

<400> 448

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 449

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v157 ECD

<400> 449

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Thr Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 450

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v158 ECD

<400> 450

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asp

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Leu Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 451

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v159 ECD

<400> 451

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15
Gly Arg Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30
His Lys Glu Gly Glu Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser

100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 452

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v160 ECD

<400> 452

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Gly Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Val Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 453

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v161 ECD

<400> 453

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Val Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 454

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v162 ECD

<400> 454

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

	195		200		205
<210>	455				
<211>	208				
<212>	PRT				
<213>	Artificial Sequence				
<220><223>	CD80 v163 ECD				
<400>	455				
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys					
1	5	10	15		
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp					
	20	25	30		
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn					
	35	40	45		
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn					
50	55	60			
Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr					
65	70	75	80		
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His					
	85	90	95		
Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser					
	100	105	110		
Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys					
115	120	125			
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn					
130	135	140			
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu					
145	150	155	160		
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr					
	165	170	175		
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn					
	180	185	190		
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn					

195				200				205							
<210>	456														
<211>	208														
<212>	PRT														
<213>	Artificial Sequence														
<220><223>	CD80 v164 ECD														
<400>	456														
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys
1				5				10				15			
Gly	His	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Asp	Ile	Leu	Trp
			20				25				30				
His	Lys	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Asn
			35				40				45				
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn
			50				55				60				
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Gln	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr
65				70				75				80			
Val	Cys	Val	Val	Leu	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Thr	Pro	Val	Leu	Glu	His
			85				90				95				
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser
			100				105				110				
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Val	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Thr	Cys
			115				120				125				
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn
			130				135				140				
Gly	Glu	Glu	Leu	Asn	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu
145				150				155				160			
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr
			165				170				175				
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	His	Leu	Arg	Val	Asn
			180				185				190				
Gln	Thr	Phe	Asn	Trp	Asn	Thr	Thr	Lys	Gln	Glu	His	Phe	Pro	Asp	Asn

	195							200									205
<210>	457																
<211>	208																
<212>	PRT																
<213>	Artificial Sequence																
<220><223>	CD80 v165 ECD																
<400>	457																
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys		
1			5						10					15			
Gly	His	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Asp	Ile	Leu	Trp		
			20					25					30				
His	Lys	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Asn		
			35				40					45					
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn		
	50					55					60						
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr		
65					70					75					80		
Glu	Cys	Val	Val	Arg	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Thr	Pro	Val	Leu	Glu	His		
				85					90					95			
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser		
			100					105					110				
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Val	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Thr	Cys		
	115						120					125					
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn		
	130						135					140					
Gly	Glu	Glu	Leu	Asn	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu		
145					150					155					160		
Thr	Glu	Leu	Tyr	Ala	Val	Ser	Ser	Glu	Leu	Asp	Phe	Asn	Met	Thr	Thr		
				165					170					175			
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	Asp	Leu	Arg	Val	Asn		
	180							185						190			

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 458
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v166 ECD
<400> 458

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15
Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

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

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Leu Pro Thr Pro Ser
100 105 110
Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195

200

205

<210> 459

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v167 ECD

<400> 459

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1

5

10

15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20

25

30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35

40

45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50

55

60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65

70

75

80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85

90

95

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

100

105

110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115

120

125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130

135

140

Gly Glu Glu Leu Asp Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145

150

155

160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165

170

175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180

185

190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 460

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v168 ECD

<400> 460

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 461
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v169 ECD
 <400> 461
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Tyr
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

	180		185		190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn					
	195		200		205
<210> 462					
<211> 208					
<212> PRT					
<213> Artificial Sequence					
<220><223> CD80 v170 ECD					
<400> 462					
Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys					
1 5 10 15					
Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp					
	20		25		30
His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn					
	35		40		45
Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn					
	50		55		60
Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr					
65 70 75 80					
Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His					
	85		90		95
Leu Ala Asp Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser					
	100		105		110
Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys					
	115		120		125
Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn					
	130		135		140
Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu					
145 150 155 160					
Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr					
	165		170		175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn					

180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 463
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v171 ECD
 <400> 463
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30
 His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
 35 40 45
 Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 464
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v172 ECD
<400> 464

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Asn Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Phe Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Ala Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Val Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 465
<211> 208
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD80 v173 ECD
<400> 465

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Phe Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 466

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v174 ECD

<400> 466

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Ser Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Ala Thr

165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 467

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v175 ECD

<400> 467

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

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

65 70 75 80
 Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Ser Glu Asn

130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
180 185 190
Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 468

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v176 ECD

<400> 468

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Ser

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

					165						170						175
Asn	His	Ser	Phe	Met	Cys	Leu	Ile	Lys	Tyr	Gly	Asp	Leu	Arg	Val	Asn		
					180						185						190
Gln	Thr	Phe	Asn	Trp	Asn	Thr	Thr	Lys	Gln	Glu	His	Phe	Pro	Asp	Asn		
					195						200						205
<210>	469																
<211>	208																
<212>	PRT																
<213>	Artificial Sequence																
<220><223>	CD80 v177 ECD																
<400>	469																
Val	Ile	His	Val	Thr	Lys	Glu	Val	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys		
1					5					10					15		
Gly	His	Asn	Val	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Thr	Asp	Ile	Leu	Trp		
					20						25						30
His	Lys	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Asn		
					35						40						45
Ile	Trp	Pro	Glu	Tyr	Lys	Asn	Arg	Thr	Ile	Phe	Asp	Ile	Thr	Asn	Asn		
					50						55						60
Leu	Ser	Ile	Val	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Gly	Thr	Tyr		
					65						70						75
Glu	Cys	Val	Val	Leu	Lys	Tyr	Glu	Lys	Asp	Gly	Phe	Lys	Arg	Glu	His		
					85						90						95
Leu	Ala	Glu	Val	Thr	Leu	Ser	Val	Lys	Ala	Asp	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser		
					100						105						110
Ile	Ser	Asp	Phe	Glu	Val	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Arg	Arg	Ile	Thr	Cys		
					115						120						125
Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Asn		
					130						135						140
Gly	Glu	Glu	Leu	Asn	Ala	Ile	Asn	Thr	Thr	Val	Ser	Gln	Asp	Pro	Glu		
					145						150						155
					160												

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 470

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v178 ECD

<400> 470

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Gly Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Gly Phe Lys Arg Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Leu Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
165 170 175
Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
195 200 205

<210> 471

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v179 ECD

<400> 471

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp
20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn
35 40 45

Ile Trp Pro Glu Cys Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
65 70 75 80

Glu Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His
85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn

180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

195 200 205

<210> 472

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v180 ECD

<400> 472

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Lys Lys Met Val Leu Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Ser Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Glu Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205

<210> 473

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v181 ECD

<400> 473

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

50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Gln Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Gly Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asp Ala Ile Thr Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn
 195 200 205
 <210> 474
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> CD80 v182 ECD
 <400> 474
 Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp
 20 25 30

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

 Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp Phe Pro Thr Pro Ser
 100 105 110
 Ile Ser Asp Phe Glu Val Pro Ser Ser Asn Ile Arg Arg Ile Thr Cys
 115 120 125
 Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn
 130 135 140
 Gly Glu Glu Leu Asn Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu

145 150 155 160

Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr

 165 170 175

Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly Asp Leu Arg Val Asn

 180 185 190

Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

 195 200 205

<210> 475

<211> 208

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v183 ECD

<400> 475

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly Leu Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Asp Ile Leu Trp

 20 25 30

His Lys Glu Gly Lys Ile Val Leu Ala Met Arg Ser Gly Asp Thr Asn

 35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

 50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Val Cys Val Val Arg Lys Tyr Glu Asn Asp Thr Pro Val Leu Glu His

 85 90 95

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

 100 105 110

Ile Ser Asp Phe Glu Ile Pro Thr Ser Asn Ile Arg Arg Ile Ile Cys

 115 120 125

Ser Ala Ser Gly Gly Phe Pro Glu Pro His Leu Ser Trp Leu Glu Asn

130 135 140

Gly Glu Glu Leu Ser Ala Ile Asn Thr Thr Val Ser Gln Asp Pro Glu
 145 150 155 160
 Thr Glu Leu Tyr Ala Val Ser Ser Lys Leu Asp Phe Asn Met Thr Thr
 165 170 175
 Asn His Ser Phe Met Cys Leu Ile Lys Tyr Gly His Leu Arg Val Asn
 180 185 190
 Gln Thr Phe Asn Trp Asn Thr Thr Lys Gln Glu His Phe Pro Asp Asn

 195 200 205

<210> 476

<211> 101

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD80 v153 IgV

<400> 476

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

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn
 50 55 60
 Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr
 65 70 75 80
 Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His
 85 90 95
 Leu Ala Glu Val Thr
 100

<210> 477

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<

220><223> CD80 v153 IgV

<400> 477

Val Ile His Val Thr Lys Glu Val Lys Glu Val Ala Thr Leu Ser Cys

1 5 10 15

Gly His Asn Val Ser Val Glu Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ile Tyr Trp

20 25 30

Gln Lys Glu Gly Lys Met Val Met Thr Met Met Ser Gly Asp Met Asn

35 40 45

Ile Trp Pro Glu Tyr Lys Asn Arg Thr Ile Phe Asp Ile Thr Asn Asn

50 55 60

Leu Ser Ile Val Ile Leu Ala Leu Arg Pro Ser Asp Glu Gly Thr Tyr

65 70 75 80

Glu Cys Val Val Leu Lys Tyr Glu Lys Asp Ala Phe Lys Arg Glu His

85 90 95

Leu Ala Glu Val Thr Leu Ser Val Lys Ala Asp

100 105

<210> 478

<211> 237

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ICOSL v36 ECD

<400> 478

Asp Thr Gln Glu Lys Glu Val Arg Ala Met Val Gly Ser Asp Val Glu

1 5 10 15

Leu Ser Cys Ala Cys Pro Glu Gly Ser Arg Phe Asp Leu Asn Asp Val

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Gln Thr Ser Glu Ser Lys Thr Val Val Thr Tyr His

35 40 45

Ile Pro Gln His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asp Ser Arg Tyr Arg Asn

50 55 60

Arg Ala Leu Met Ser Pro Ala Gly Met Leu Arg Gly Asp Phe Ser Leu

65 70 75 80

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