

(19) 대한민국특허청(KR) (12) 공개특허공보(A)

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)

COTK 16/42 (2006.01) COTK 16/22 (2006.01) COTK 16/28 (2006.01) GO1N 33/50 (2006.01) GO1N 33/68 (2006.01)

(52) CPC특허분류 COTK 16/4258 (2013.01) COTK 16/22 (2013.01)

(21) 출원번호 10-2015-7014594

(22) 출원일자(국제) **2013년11월14일** 심사청구일자 **없음**

(85) 번역문제출일자 **2015년06월02일**

(86) 국제출원번호 PCT/US2013/069993

(87) 국제공개번호 **WO 2014/078475** 국제공개일자 **2014년05월22일**

(30) 우선권주장 61/726,040 2012년11월14일 미국(US)

전체 청구항 수 : 총 115 항

(11) 공개번호 10-2015-0084028

(43) 공개일자 2015년07월21일

(71) 출원인

리제너론 파마슈티칼스 인코포레이티드

미합중국 뉴욕주 10591 타리타운 올드 소우 밀 리 버 로드 777

(72) 발명자

데쉬판데 디팔리

미국 뉴욕 10603 화이트 플레인즈 엘도라도 코트

첸 강

미국 뉴욕 10598 요크타운 하이츠 폭스 테일 레인 1600

(뒷면에 계속)

(74) 대리인

송봉식, 정삼영

(54) 발명의 명칭 **재조합 세포 표면 캡쳐 단백질**

(57) 요 약

면역글로불린 CH3 도메인 및/또는 치환된 CH3 도메인을 갖는 분비된 헤테로다이머 원하는 단백질 (POI)을 생산하는 세포를 분리하고 검출하는데 유용한 재조합 세포 표면 캡쳐 단백질 및 검출 분자가 제공된다. 이중 특이적 항체를 분리하고 검출하는 재조합 세포 표면 캡쳐 단백질 및 검출 분자가 또한 제공된다. 본 발명은 또한 CH3 도메인 및/또는 변형된 CH3 도메인, 예를 들어, H95 및 Y96 (IMGT)에서 아미노산 치환이 있거나 또는 없는 CH3 도메인을 함유하는 원하는 단백질을 인식하고 이것에 결합할 수 있는 재조합 항원-결합 단백질을 제공한다.

(52) CPC특허분류

CO7K 16/2863 (2013.01)

CO7K 16/42 (2013.01)

GO1N 33/5005 (2013.01)

GO1N 33/68 (2013.01)

COTK 2317/31 (2013.01)

COTK 2317/526 (2013.01)

COTK 2317/64 (2013.01)

COTK 2317/92 (2013.01)

(72) 발명자

부라코프 다리아

미국 뉴욕 10705 욘커스 애쉬튼 로드 10

판들 제임스

미국 뉴욕 12540 라그레인지빌 아만다스 웨이 40

알드리치 토마스

미국 뉴욕 10598 요크타운 하이츠 버니 코트 2360 **카마트 비샬**

미국 뉴져지 07621 버겐필드 리버티 로드 129 아파 트먼트 피

명세서

청구범위

청구항 1

인간 IgG1-Fc 도메인, 인간 IgG2-Fc 도메인, 또는 인간 IgG4-Fc 도메인에 결합하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 2

제1 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:26의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 3

제1 항 또는 제2 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 표면 플라스몬 공명 검정에서 측정된 바와 같이 약 40 nM 미만의 Kp로 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 4

제1 항 내지 제3 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 영역 (HCVR), 또는 SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 영역 (LCVR)의 하나 이상의 상보성 결정 영역 (CDR)을 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 5

제1 항 내지 제4 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:27의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR-1), SEQ ID NO:28의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 BCDR-1 (LCDR-1), 및 SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 6

제1 항 내지 제5 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 7

제1 항 내지 제6 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:15의 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:16의 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 8

제1 항 내지 제7 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 (a) SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, (b) SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인, 및 (c) SEQ ID NO:17 또는 SEQ ID NO:21과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 막 앵커 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 9

제1 항 내지 제8 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:15와 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 도메인 및 SEQ ID NO:16과 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 10

제1 항 내지 제9 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:19의 아미노산 서열을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 11

SEQ ID NO:27의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR1), SEQ ID NO:28의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:29의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 경쇄 CDR-1 (LCDR-1), SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함하는 항체로서 치환된 CH3 폴리펩티드 상의 같은 에피토프에 결합하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 12

제1 항 내지 제11 항 중 어느 한 항의 항원 결합 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 분리된 폴리뉴클레오티드.

청구항 13

제12 항에 있어서, 핵산은 SEQ ID NO:19의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드를 암호화하는 것을 특징으로 하는 분리된 폴리뉴클레오티드.

청구항 14

- (a) 제12 항 또는 제13 항에 따르는 폴리뉴클레오티드;
- (b) 폴리뉴클레오티드에 작동 가능하게 결합되는 프로모터; 및
- (c) 폴리아데닐화 서열

을 포함하는 핵산 벡터.

청구항 15

제14 항에 있어서, 프로모터는 CMV 프로모터인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 16

제14 항 또는 제15 항에 있어서, 선택 가능한 마커를 암호화하는 핵산을 포함하는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 17

제16 항에 있어서, 선택 가능한 마커는 네오마이신 저항성을 제공하는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 18

제14 항 내지 제17 항 중 어느 한 항에 있어서, 에너지 전달 단백질을 암호화하는 핵산을 포함하는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 19

제18 항에 있어서, 에너지 전달 단백질은 녹색 형광 단백질의 유도체인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 20

제19 항에 있어서, 녹색 형광 단백질의 유도체는 황색 형광 단백질 ("YFP")인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 21

제14 항 내지 제20 항 중 어느 한 항에 있어서, 벡터는 원형인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 22

제14 항 내지 제20 항 중 어느 한 항에 있어서, 벡터는 선형인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 23

제22 항에 있어서, 벡터는 숙주 세포의 게놈으로 통합되는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 24

제14 항 내지 제23 항 중 어느 한 항에 있어서, 숙주 세포는 CHO 세포인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 25

제1 항 내지 제11 항 중 어느 한 항의 항원-결합 단백질을 발현하는 숙주 세포.

청구항 26

제25 항에 있어서, 세포는 CHO 세포인 것을 특징으로 하는 숙주 세포.

청구항 27

IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 (a) 95R, 및 (b) 95R 및 96F, 또는 EU 넘버링 시스템에 따라 (a') 435R, 및 (b') 435R 및 436F로 구성된 군으로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환을 포함하는 치환된 CH3 폴리펩티드에 특이적으로 결합하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 28

제27 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:42의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 29

제27 항 또는 제28 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 표면 플라스몬 공명 검정에서 측정된 바와 같이 약 60 nM 미만의 K_D 로 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 30

제27 항 내지 제29 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 영역 (HCVR), 또는 SEQ ID NO:39과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 영역 (LCVR)의 하나 이상의 상보성 결정 영역 (CDR)을 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 31

제27 항 내지 제30 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:32의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR-1), SEQ ID NO:33의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:34의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:35의 아미노산 서열을 갖는 경쇄 CDR-1 (LCDR-1), SEQ ID NO:36의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2, 및 SEQ ID NO:37의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-3을 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 32

제27 항 내지 제31 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노 산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 33

제27 항 내지 제32 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38의 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:39의 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 34

제27 항 내지 제33 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:40과 적어도 95% 동일한 아미노 산 서열을 포함하는 중쇄 및 SEQ ID NO:41과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄를 포함하는 항 체인 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 35

제27 항 내지 제34 항 중 어느 한 항에 있어서, 항체는 SEQ ID NO:40과 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 및 SEQ ID NO:41과 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄를 포함하는 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 36

제27 항 내지 제33 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 (a) SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, (b) SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인, 및 (c) 막 앵커 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 37

제27 항 내지 제33 항 및 제36 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38과 동일한 아미노 산 서열을 갖는 중쇄 가변 도메인 및 SEQ ID NO:39와 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 도메인을 포함하 는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 38

제27 항 내지 제33 항, 제36 항 및 제37 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:43의 아미노산 서열을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 39

SEQ ID NO:32의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR1), SEQ ID NO:33의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:34의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:35의 아미노산 서열을 갖는 G쇄 CDR-1 (LCDR-1), SEQ ID NO:36의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2, 및 SEQ ID NO:37의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-3을 포함하는 항체로서 치환된 CH3 폴리펩티드 상의 같은 에피토프에 결합하는 재조합 항원-결합 단백질.

청구항 40

제27 항 내지 제39 항 중 어느 한 항의 항원 결합 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 분리된 폴리뉴클레오티드.

청구항 41

제40 항에 있어서, 핵산은 SEQ ID NO:40의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드를 암호화하는 것을 특징으로 하는 분리된 폴리뉴클레오티드.

청구항 42

제40 항에 있어서, 핵산은 SEQ ID NO:41의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드를 암호화하는 것을 특징으로 하는 분리된 폴리뉴클레오티드.

청구항 43

제40 항에 있어서, 핵산은 SEQ ID NO:43의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드를 암호화하는 것을 특징으로 하는 분리된 폴리뉴클레오티드.

청구항 44

- (a) 제40 항 내지 제43 항 중 어느 한 항에 따르는 폴리뉴클레오티드;
- (b) 폴리뉴클레오티드에 작동 가능하게 결합된 프로모터; 및
- (c) 폴리아데닐화 서열

을 포함하는 핵산 벡터.

청구항 45

제44 항에 있어서, 프로모터는 CMV 프로모터인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 46

제44 항 또는 제45 항에 있어서, 선택 가능한 마커를 암호화하는 핵산을 포함하는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 47

제46 항에 있어서, 선택 가능한 마커는 네오마이신 저항성을 제공하는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 48

제44 항 내지 제47 항 중 어느 한 항에 있어서, 에너지 전달 단백질을 암호화하는 핵산을 포함하는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 49

제48 항에 있어서, 에너지 전달 단백질은 녹색 형광 단백질의 유도체인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 50

제49 항에 있어서, 녹색 형광 단백질의 유도체는 황색 형광 단백질 ("YFP")인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 51

제44 항 내지 제50 항 중 어느 한 항에 있어서, 벡터는 원형인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 52

제44 항 내지 제50 항 중 어느 한 항에 있어서, 벡터는 선형인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 53

제52 항에 있어서, 벡터는 숙주 세포의 게놈으로 통합되는 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 54

제53 항에 있어서, 숙주 세포는 CHO 세포인 것을 특징으로 하는 핵산 벡터.

청구항 55

제27 항 내지 제39 항 중 어느 한 항의 항원-결합 단백질을 발현하는 숙주 세포.

청구항 56

제55 항에 있어서, 세포는 CHO 세포인 것을 특징으로 하는 숙주 세포.

청구항 57

헤테로다이머 단백질을 안정하게 발현하는 세포를 검출하거나 분리하는 방법으로서,

- (a) 숙주 세포에서 세포 표면 캡쳐 단백질 (CSCP) 및 헤테로다이머 단백질을 발현하는 단계로서, (i) CSCP는 헤테로다이머 단백질 상의 제1 부위에 결합하여 숙주 세포 내부에서 CSCP-헤테로다이머 단백질 복합체를 형성하고, (ii) CSCP-헤테로다이머 단백질 복합체는 숙주 세포를 통해 전달되며, (iii) 그때 숙주 세포의 표면 상에 디스플레이되는 단계;
- (b) 숙주 세포를 검출 분자에 접촉시키는 단계로서, 검출 분자는 헤테로다이머 단백질 상의 제2 부위에 결합하는 단계; 및
- (c) 검출 분자에 결합하는 숙주 세포를 선택하는 단계

를 포함하는 방법.

청구항 58

제57 항에 있어서, 단계 (c)에서 숙주 세포를 선택하기 전 세포를 차단 분자와 접촉시키는 단계를 포함하는데, 차단 분자는 헤테로다이머 단백질에 결합되지 않는 CSCP에 결합하지만, CSCP-헤테로다이머 단백질 복합체에 결합하지 않는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 59

제57 항 또는 제58 항에 있어서, 선택 단계 (c)는 형광성 활성화된 세포 분류에 의해 수행되는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 60

제57 항 내지 제59 항 중 어느 한 항에 있어서, 헤테로다이머 단백질은 다수의 서브유닛을 포함하며 헤테로다미어 단백질 상의 제1 부위는 제1 서브유닛 상에 있고, 헤테로다이머 단백질 상의 제2 부위는 제2 서브유닛 상에 있는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 61

제60 항에 있어서, 헤테로다이머 단백질은 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 62

제61 항에 있어서, 항체 상의 제1 부위는 야생형 CH3 도메인을 포함하는 중쇄 상에 있는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 63

제57 항 내지 제62 항 중 어느 한 항에 있어서, 항체 상의 제1 부위는 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 히스티딘 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 티로신 잔기를 포함하는 CH3 도메인을 포함하는 중쇄 상에 있는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 64

제57 항 내지 제63 항 중 어느 한 항에 있어서, CSCP는 인간 IgG1-Fc 도메인, 인간 IgG2-Fc 도메인, 또는 인간 IgG4-Fc 도메인에 결합하는 재조합 항원-결합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 65

제57 항 내지 제64 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:26의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 66

제57 항 내지 제65 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 단백질 A 또는 단백질 A의 기능적 단편을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 67

제66 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 단백질 A의 Fc 결합 도메인을 포함하는 키메라 단백질인 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 68

제67 항에 있어서, 키메라 단백질은 단백질 A의 Fc 결합 도메인 및 막 앵커를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 69

제68 항에 있어서, 키메라 단백질은 단백질 A의 Fc 결합 도메인 및 Fc 수용체의 막관통 도메인을 포함하는 것을

특징으로 하는 방법.

청구항 70

제57 항 내지 제64 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 표면 플라스몬 공명 검정에서 측정된 바와 같이 약 40 nM 미만의 K_D 로 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 71

제57 항 내지 제70 항 중 어느 한 항에 있어서, CSCP는 (a) SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, (b) SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인, 및 (c) 막 앵커 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 72

제71 항에 있어서, 검출 분자 (DM)는 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, 및 SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는 항원-결합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 73

제57 항 내지 제59 항 중 어느 한 항에 있어서, CSCP는 (a) SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, (b) SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인, 및 (c) 막 앵커 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질을 포함하는 항원-결합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 74

제73 항에 있어서, 검출 분자 (DM)는 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, 및 SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는 항원-결합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 75

제57 항 내지 제74 항 중 어느 한 항에 있어서, 차단 분자는 비-인간 IgG 또는 인간 Fc 분자인 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 76

높은 수준의 헤테로다이머 단백질을 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 방법으로서,

- (a) 세포를 막 앵커 도메인을 포함하는 융합 단백질이고 헤테로다이머 단백질의 제1 서브유닛에 결합할 수 있는 세포 표면 캡쳐 단백질 (CSCP)을 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계로서, 세포는 헤테로다이머 단백질을 발현하는 단계;
- (b) 높은 수율로 CSCP를 발현하는 (a)의 세포를 검출하는 단계;
- (c) 높은 수율로 CSCP를 발현하는 세포를 분리하고 배양하는 단계;
- (d) 단계 (c)의 분리되고 배양된 세포의 표면 상의 헤테로다이머 단백질을 헤테로다이머 단백질의 제2 서브유닛에 결합하는 검출 분자로 검출하는 단계; 및
- (e) 그것의 표면 상에서 검출된 헤테로다이머 단백질을 가지고 있는, 단계 (d)에서 검출된 세포를 분리하는 단계

를 포함하는 방법.

청구항 77

제76 항에 있어서, 헤테로다이머 단백질은 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 78

제76 항 또는 제77 항에 있어서, 헤테로다이머 단백질의 제1 서브유닛은 야생형 CH3 도메인을 포함하는 중쇄 도메인을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 79

제76 항 내지 제78 항 중 어느 한 항에 있어서, 헤테로다이머 단백질의 제1 서브유닛은 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 히스티딘 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 티로신 잔기를 갖는 CH3 도메인을 포함하는 중쇄를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 80

제76 항 내지 제79 항 중 어느 한 항에 있어서, CSCP는 인간 IgG1-Fc 도메인, 인간 IgG2-Fc 도메인, 또는 인간 IgG4-Fc 도메인에 결합하는 재조합 항원-결합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 81

제76 항 내지 제80 항 중 어느 한 항에 있어서, 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:26의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 82

제76 항 내지 제81 항 중 어느 한 항에 있어서, 재조합 항원-결합 단백질은 단백질 A 또는 단백질 A의 기능적 단편을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 83

제82 항에 있어서, 재조합 항원-결합 단백질은 단백질 A의 Fc 결합 도메인을 포함하는 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 84

제82 항 또는 제83 항에 있어서, 융합 단백질은 단백질 A의 Fc 결합 도메인 및 막 앵커를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 85

제82 항 내지 제84 항 중 어느 한 항에 있어서, 융합 단백질은 단백질 A의 Fc 결합 도메인 및 Fc 수용체의 막관통 도메인을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 86

제76 항 내지 제81 항 중 어느 한 항에 있어서, 재조합 항원-결합 단백질은 표면 플라스몬 공명 검정에서 측정된 바와 같이 약 40 nM 미만의 Kp로 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 87

제76 항 내지 제81 항 중 어느 한 항에 있어서, 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 영역 (HCVR), 또는 SEQ ID NO: 16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 영역 (LCVR)의 하나 이상의 상보성 결정 영역 (CDR)을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 88

제76 항 내지 제81 항 또는 제87 항 중 어느 한 항에 있어서, 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:27의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR-1), SEQ ID NO:28의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 경쇄 CDR-1 (LCDR-1), 및 SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 89

제76 항 내지 제81 항, 87 항 또는 제88 항 중 어느 한 항에 있어서, 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:27 의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR1), SEQ ID NO:28의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:29의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 경쇄 CDR-1 (LCDR-1), 및 SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함하는 항체로서 CH3 도메인 상의 같은 에피토프에 결합하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 90

제76 항 내지 제81 항 또는 제87 항 내지 제89 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO: 15 와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO: 16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 91

제76 항 내지 제81 항 또는 제87 항 내지 제90 항 중 어느 한 항에 있어서, 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO: 15 의 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:16의 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 92

제76 항 내지 제81 항 중 어느 한 항에 있어서, CSCP는 (a) SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, (b) SEQ ID NO: 16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인, 및 (c) SEQ ID NO:17 또는 SEQ ID NO:21과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 막 앵커 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 93

제76 항 내지 제81 항 또는 제92 항 중 어느 한 항에 있어서, CSCP는 SEQ ID NO: 15와 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 도메인 및 SEQ ID NO:16과 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 94

제76 항 내지 제81 항, 제92 항, 또는 제93 항 중 어느 한 항에 있어서, CSCP는 SEQ ID NO:19의 아미노산 서열을 포함하는 ScFv 융합 단백질인 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 95

제76 항 내지 제94 항 중 어느 한 항에 있어서, 헤테로다이머 단백질의 제2 서브유닛은 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 아르기닌 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 페닐알라닌 잔기를 포함하는 CH3 도메인을 포함하는 중쇄를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 96

제95 항에 있어서, 검출 분자 (DM)는 인간 IgG1-Fc 도메인, 인간 IgG2-Fc 도메인, 또는 인간 IgG4-Fc 도메인에 결합하는 표지된 재조합 항원-결합 단백질을 포함하는데 Fc 도메인은 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 아르기닌 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 페닐알라닌 잔기를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 97

제95 항 또는 제96 항에 있어서, 검출 분자는 표지된 항-인간 IgG F(ab')2를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 98

제96 항 또는 제97 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:43의 아미노산 서

열을 포함하는 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 99

제96 항 내지 제98 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 표면 플라스몬 공명 검정에서 측정된 바와 같이 약 60 nM 미만의 Kp로 폴리펩티드에 결합하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 100

제96 항 내지 제99 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 영역 (HCVR), 또는 SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 영역 (LCVR)의 하나 이상의 상보성 결정 영역 (CDR)을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 101

제96 항 내지 제100 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:32의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR-1), SEQ ID NO:33의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:34의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:35의 아미노산 서열을 갖는 G쇄 CDR-1 (LCDR-1), SEQ ID NO:36의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2, 및 SEQ ID NO:37의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-3을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 102

제96 항 내지 제101 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 103

제96 항 내지 제102 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38의 아미노산을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:39의 아미노산을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 104

제96 항 내지 제103 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:40과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 SEQ ID NO:41과 적어도 95% 동일한 아미노산을 포함하는 경쇄를 포함하는 표지된 항체인 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 105

제104 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 항체는 SEQ ID NO:40과 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 및 SEQ ID NO:41과 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 106

제76 항 내지 제78 항 중 어느 한 항에 있어서, 헤테로다이머 단백질의 제1 서브유닛은 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 아르기닌 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 페닐알라닌 잔기를 갖는 CH3 도메인을 포함하는 중쇄 도메인을 포함하고, 헤테로다이머 단백질의 제2 서브유닛은 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 히스티딘 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 티로신 잔기를 갖는 CH3 도메인을 포함하는 중쇄 도메인을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 107

제106 항에 있어서, CSCP는 (a) SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인, (b) SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인, 및 (c) 막 앵커 도메인을 포함하는 ScFv 융합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 108

제107 항에 있어서, ScFv 융합 단백질은 SEQ ID NO:38과 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 도메인 및 SEQ

ID NO:39와 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 도메인을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 109

제107 항 또는 제108 항에 있어서, ScFv 융합 단백질은 SEQ ID NO:43의 아미노산 서열을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 110

제106 항 내지 제109 항 중 어느 한 항에 있어서, 검출 분자 (DM)는 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 영역 (HCVR), 또는 SEQ ID NO: 16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 영역 (LCVR)의 하나 이상의 상보성 결정 영역 (CDR)을 포함하는 표지된 재조합 항원-결합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 111

제110 항에 있어서, 표지된 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:27의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR-1), SEQ ID NO:28의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 경쇄 CDR-1 (LCDR-1), 및 SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 112

제106 항에 있어서, 검출 분자 (DM)는 SEQ ID NO:27의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR1), SEQ ID NO:28의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:29의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 경쇄 CDR-1 (LCDR-1), 및 SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함하는 항체로서 CH3 도메인 상의 같은 에피토프에 결합하는 표지된 재조합 항원-결합 단백질을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 113

제112 항에 있어서, 표지된 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO: 15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 114

제112 항 또는 제113 항 중 어느 한 항에 있어서, 표지된 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:15의 아미노산 서열을 갖는 HCVR 및 SEQ ID NO:16의 아미노산 서열을 갖는 LCVR을 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 115

제76 항 내지 제114 항 중 어느 한 항에 있어서, 차단 분자는 비-인간 IgG 또는 인간 Fc 분자인 것을 특징으로 하는 방법.

발명의 설명

기 술 분 야

관련된 출원에 대한 교차-참조

본 출원은 2012년 11월 14일에 출원된 미국 가특허 출원 번호 제61/726,040호의 35 USC § 119(e) 하에서 이익을 주장하며, 본 출원은 그것의 전문이 본원에 명확하게 참고로 포함된다.

[0003] 서열 목록

[0001]

[0002]

[0004]

본 출원은 참고로 2013년 11월 12일에 생성된 파일 8600WO_ST25.txt (86,267 바이트)로서 컴퓨터로 판독 가능한 형태로 제출된 서열 목록을 포함한다.

[0005] 본 발명의 분야

[0006] 본 발명의 분야는 재조합 세포 표면 캡쳐 단백질 및 헤테로다이머인 분비된 단백질, 예를 들어, 이중 특이적 단

백질을 생산하는 세포를 확인하고, 분리하고 풍부화하는 방법에 관한 것이다. 더 구체적으로, 세포 표면 캡쳐 단백질 및 방법은 특이적 히브리도마(hybridoma) 및 헤테로다이머 단백질, 예를 들어, 이중 특이적 항체를 분비하는 세포를 포함하는, 고발현 재조합 항체-생산 세포주의 신속하고 효율적인 분리를 허용하고, 이로 인해 헤테로다이머 종 (이중 특이적 분자)를 풍부화하고 우선적으로 호모다이머 종에서 헤테로다이머 종을 분리한다.

배경기술

숙주 세포에서 원하는 유전자(gene of interest; GOI)를 발현하는 선행 방법이 알려져 있다. 간략히 말하면, GOI를 가지고 있는 발현 벡터가 세포로 도입된다. 안정한 통합에 따라, 고발현 세포를 분리하는 표준 방법은 세포 풀(pool)의 수거, 플레이트로부터 콜로니의 핸드-피킹(hand-picking), 제한된 희석, 또는 업계에 알려져 있는 다른 방법에 의한 단일 세포의 분리를 수반한다. 풀 또는 개개의 클론은 그때 원하는 단백질 (protein of interest; POI)의 생산을 위해서 POI 활성의 직접적인 측정에 의해, POI의 면역학적 검출에 의해, 또는 다른 적합한 기술에 의해 확장되고 스크리닝된다. 이 과정들은 힘들고, 비효율적이며, 비용이 많이 들고, 분석 될 수 있는 클론의 수는 보통 수백 개로 제한된다.

안정한 통합 후 세포에 의한 단백질 발현의 대부분의 이질성(heterogeneity)은 안정하고, 고발현 생산 세포주를 발생시키는 드문 통합 이벤트를 확인하기 위한 노력으로 많은 개개의 클론들이 스크리닝되는 것이 필요하다. 이요구는 가장 높은 수준의 단백질 생산을 발현하는 세포의 신속한 확인 및 분리를 가능하게 하는 방법을 필요로한다. 게다가, 클론 풀 또는 핸드-피킹된 콜로니의 수거는 더 빠르게 성장하는 저발현 세포에 비해 종종 더 느리게 성장하는 고발현 세포를 손실할 위험이 있다. 그러므로, 분비된 POI의 높은 수준의 발현을 가능하게 하는 개개의 세포의 신속한 스크리닝 및 분리를 허용하는 방법이 존재해야할 필요가 있다. POI가 하나 이상의 서브유닛을 함유하는 경우에, 호모다이머 종에 비해 원하는 헤테로다이머 종에 대하여 우선적으로 선택하는 것이 필요하다.

유동 세포 분석법의 안정한 발현 세포주의 분리에 사용된 방법으로의 통합은 다수의 개개의 클론을 스크리닝하는 능력을 개선하였지만, 현재 이용 가능한 방법은 다양한 이유로 여전히 불충분하다. 다른 특징의 세포들 사이에서 POI의 확산이 또한 문제가 있었다.

발명의 내용

해결하려는 과제

원하는 단백질 (POI)에 대하여 직접적으로 스크리닝함으로써 단백질을 분비하는 상기 세포의 신속한 분리를 위한 고속 대용량 스크리닝 방법을 설명한다. 본 발명은 또한 제조 공정 중에 단일 세포를 기반으로 하여 POI 발현의 편리한 모니터링을 허용한다. 게다가, 이 기술은 이중 특이적 항체-생산 세포, 또는 헤테로다이머 단백질을 생산하는 어떤 세포의 스크리닝에도 직접적으로 적용될 수 있다. 기술은 또한 변형된 T 세포 수용체를 생산하는 세포, 예를 들어, 가용성 형태의 T 세포 수용체를 생산하는 세포의 스크리닝에도 직접적으로 적용될 수 있다.

한 양태에서, 본 발명은 분비된 원하는 단백질 (POI)를 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 방법을 제공하며, a) POI에 결합할 수 있는 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산 분자를 구성하는 단계; b) POI를 발현하는 세포를 단계 a)의 핵산 분자로 트랜스펙션하는 단계; c) 세포를 검출 분자와 접촉시킴으로써 표면-디스플레이된 (displayed) POI를 검출하는 단계이며, 검출 분자가 POI에 결합하는 단계; 및 d) 검출 분자를 기반으로 하여 세포를 분리하는 단계를 포함한다.

다양한 구체예에서, 원하는 단백질은 리간드, 가용성 수용체 단백질, 성장 인자, 융합 단백질, 항체, 이중 특이적 항체, Fab, 단일 사슬 항체 (ScFv), 또는 이것들의 단편을 포함한다. 원하는 단백질이 항체일 때, 항체는 IgM, IgG, IgA, IgD 또는 IgE, 뿐만 아니라 이것들의 다양한 서브타입 또는 변종으로 구성된 군으로부터 선택된다. 특정 구체예에서, 항체는 항-DII4 항체, 항-ErbB3 항체, 항-EGFR 항체, 이중-특이적 항-ErbB3/EGFR 이중특이적 항체, 또는 항-IL-6 수용체 항체이다.

더 특정 구체예에서, 원하는 단백질은 인터류킨 (IL)-1, IL-2, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-9, IL-10, IL-13, IL-15, IL-16, IL-17, IL-18, IL-21, 섬모 신경향성 인자 (CNTF), 에리트로포이에틴, 혈관 내피 성장 인자 (VEGF), 안지오포이에틴 1 (Ang-1), 안지오포이에틴 2 (Ang-2), TNF, 인터페론-감마, GM-CSF, TGFp, 및 TNF 수 용체로 구성된 군으로부터 선택된 성장 인자이다.

[0007]

[0009]

[0010]

[0011]

[0012]

[0013]

[0014] 다양한 구체예에서, 원하는 단백질은 T 세포 수용체의 가변 도메인을 포함한다. 특정 구체예에서, 원하는 단백질은 가용성 T 세포 수용체 (sTCR), 또는 Fc (TCR-Fc)에 융합된 T 세포 수용체 세포 외 도메인을 포함하는 단백질이다. 특정 구체예에서, Fc는 인간 Fc이다. 다양한 구체예에서, 단백질은 T 세포 수용체 세포 외 도메인의 가변 도메인을 포함한다. 다양한 구체예에서, 단백질은 T 세포 수용체 세포 외 도메인의 가변 도메인 및 불변 도

메인을 포함한다.

- [0015] 원하는 단백질을 암호화하는 핵산은 자연 발생하거나 재조합 기술을 통해 구성된 어떤 공급원의 것일 수도 있고, DNA 라이브러리로부터 선택될 수도 있다.
- [0016] 다양한 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자는 리간드-특이적 수용체, 수용체-특이적 리간드, 항체-결합 단백질, 항체 또는 ScFv와 같은 항체 단편, 또는 펩티드이다. 캡쳐 분자가 펩티드일 때, 펩티드는 파지 디스플레이 라이 브러리(phage display library)로부터 분리될 수도 있다. 더 특정 구체예에서, 캡쳐 분자는 Ang1, Ang2, VEGF, Tie1, Tie2, VEGFRI (Flt1), VEGFRII (Flk1 또는 KDR), CNTF, CNTFR- a, 시토킨 수용체 구성요소, 둘 이상의 시토킨 수용체 구성요소의 융합체, 또는 이것들의 단편일 수도 있다. 캡쳐 분자가 항체-결합 단백질일 때, 항체-결합 단백질은 Fc 수용체, 항-면역글로불린 항체, 항-면역글로불린 (항-Ig) ScFv, 항-Fc 항체, 항-Fc* 항체, 단백질 A, 단백질 L, 단백질 G, 단백질 H 또는 이것들의 기능적 단편일 수도 있다. 이와 같이, 일부 구체예에서는, 캡쳐 분자는 항원, 단백질 A, 또는 막관통 도메인 또는 GPI 결합자에 융합된 항-Ig ScFv를 포함하는 융합 단백질이다.
- [0017] 다양한 구체예에서, 원하는 단백질이 T 세포 수용체 가변 도메인을 포함하는 경우에 세포 표면 캡쳐 분자는 Fc 수용체 또는 T 세포 수용체의 가변 도메인에 의해 인식될 수 있는 막-결합 항원을 포함한다.
- [0018] 일부 구체예에서, 원하는 단백질이 헤테로다이머 단백질, 예를 들어, 제1 서브유닛 및 제2 서브유닛을 가진 헤테로다이머 단백질인 경우에 세포 표면 캡쳐 분자는 제2 서브유닛은 아니지만 제1 서브유닛에 결합할 수 있는 항원, 단백질 A, 또는 ScFv를 포함하거나, 이러한 세포 표면 캡쳐 분자는 제2 서브유닛에 결합하지만 제1 서브유닛에는 결합하지 않는다.
- [0019] 다양한 구체예에서, 원하는 단백질이 IgG1, IgG2, IgG4, 또는 단백질 A에 대한 결합을 폐지하는 돌연변이를 포함하는 하나의 CH3 도메인 및 단백질 A에 결합할 수 있는 다른 CH3 도메인을 갖는 이중 특이적 항체; 또는 IgG1, IgG2, IgG4의 Fc 영역 또는 단백질 A에 대한 결합을 폐지하는 돌연변이를 포함하는 하나의 CH3 도메인 및 단백질 A에 결합할 수 있는 다른 CH3 도메인을 갖는 Fc 영역을 포함하는 융합 단백질인 다양한 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자는 항-Fc 또는 항-Fc* ScFv와 같은 항-면역글로불린 ScFv를 포함한다.
- [0020] 여러 구체예에서, 본 발명의 방법은 POI를 세포막에 고정하기 위해 제공하며, 세포의 외부에 노출되고, 따라서 세포 표면 캡쳐 분자로서 기능하는 막 앵커(anchor)를 더 포함한다. 특정 구체예에서, 막 앵커는 막관통 앵커 또는 GPI 링크(link)이다. 특이적 막관통 앵커의 예는 Fc 수용체의 막관통 도메인, 예를 들어, 인간 Fc ɣ RI의 막관통 도메인을 포함하며, 이것의 예는 SEQ ID NO:17에서 인용된다. 막 앵커는 세포에 고유하거나, 재조합형이 거나, 또는 합성형일 수도 있다.
- [0021] 다양한 구체예에서, 원하는 단백질은 T 세포 수용체 가변 영역을 포함하고, 세포 표면 캡쳐 분자는 막-결합 항원을 포함한다. 특정 구체예에서, 막-결합 항원은 막 앵커에 융합된 T 세포 수용체 가변 영역에 의해 인식될 수있는 항원을 포함하는 재조합 융합 단백질이며 항원은 세포 표면에 결합된다. 특정 구체예에서, 재조합 융합 단백질은 막관통 앵커 또는 GPI 링크에 융합된 항원을 포함한다. 또 다른 특정 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자는 막 앵커 및 주요 조직적합성 (MHC) 분자에 결합할 수 있는 항원을 포함하는 재조합 융합 단백질을 포함하는 데, 예를 들어, 종양 항원 및 형질전환된 표현형의 자가 단백질(self protein)을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.
- [0022] 추가의 구체예에서, 신호 서열은 POI의 아미노 말단에 추가되고, 이로 인해 단백질은 세포 표면으로 수송되고, 세포 표면 캡쳐 분자로서 기능한다. 신호 서열은 세포에 고유하거나, 재조합형이거나, 또는 합성형일 수도 있다.
- [0023] 다양한 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자에 결합하는 차단 분자는 POI의 확산을 감소시키기 위해 발현 세포에서 주변 세포(neighboring cell)로 추가된다. 또 다른 구체예에서, 발현 세포에서 주변 세포로 POI의 확산 및 상기 세포에 그것의 부착은 배지의 점성을 증가시킴으로써 감소된다.
- [0024] 본 발명의 방법에 의해 분리된 세포는 불멸화 세포에 융합된 항체-생산 세포일 수도 있다. 더 특정 구체예에서,

항체-생산 세포는 B-세포 또는 이것의 유도체이다. B-세포 유도체는 형질세포, 히브리도마, 골수종(myeloma), 또는 재조합 세포일 수도 있다.

- [0025] 게다가, 본 발명의 방법은 B-세포 및 이것의 유도체, 또는 원하는 특이성, 친화도 또는 이소타입의 분비된 항체를 발현하는 히브리도마의 확인에 유용하다. 본 발명은 또한 원하는 수준의 항체 또는 항체 단편을 발현하는 세포의 분리에 사용될 수 있다.
- [0026] 디스플레이된 POI로 세포의 검출은 디스플레이된 POI에 직접적으로 또는 간접적으로 결합할 수 있는 어떤 분자의 사용을 통해서도 이루어질 수 있다. 이러한 검출 분자는 POI를 디스플레이하는 세포의 검출 및/또는 분리를 용이하게 할 수도 있다. 한 구체예에서, 서로 결합하며 별도로 표지된 두 개의 분자가 이용된다. 검출 및/또는 분리는 업계에 알려져 있는 표준 기술을 통해 이루어질 수도 있다.
- [0027] 또 다른 양태에서, 본 발명은 분비된 원하는 단백질 (POI)을 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 방법을 특징으로 하는데, a) 세포를 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계이며, 세포 표면 캡쳐 분자는 POI에 결합할 수 있는 단계; b) a)의 세포를 POI를 암호화하는 제2 핵산으로 동시에 또는 순차적으로 트랜스펙션하는 단계이며, POI가 발현되고 분비되는 단계; c) 세포를 POI에 결합하는 검출 분자와 접촉시킴으로써 표면-디스플레이된 POI를 검출하는 단계; 및 d) 검출 분자에 기초하여 세포를 분리하는 단계를 포함한다.
- [0028] 또 다른 양태에서, 본 발명은 POI를 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 단계를 특징으로 하는데, a) 높은 수율로 세포 표면 캡쳐 분자를 발현하는 세포를 검출하는 단계; b) (a)에서 검출된 세포를 분리하고 배양하는 단계; c) (b)의 세포를 POI를 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계이며 이러한 POI가 분비되는 단계; d) 세포를 POI에 결합하는 검출 분자와 접촉시킴으로써 표면-디스플레이된 POI를 검출하는 단계; 및 e) 검출 분자에 기초하여 세포를 분리하는 단계를 포함한다.
 - 또 다른 양태에서, 본 발명은 높은 수준의 원하는 단백질 (POI)을 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 방법을 제공하는데, a) 세포를 POI에 결합할 수 있는 이러한 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계이며, 세포는 POI를 발현하는 단계; b) 높은 수율로 상기 세포 표면 캡쳐 분자를 발현하는 (a)의 세포를 검출하는 단계; c) 높은 수율 세포를 분리하고 배양하는 단계; d) 세포를 POI에 결합하는 검출 분자와 접촉시킴으로써 표면-디스플레이된 POI를 검출하는 단계; 및 e) 검출된 세포를 분리하는 단계를 포함한다.
 - 또 다른 양태에서, 본 발명은 높은 수준의 헤테로다이머 단백질을 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 방법을 제공하는데, (a) 세포를 막 앵커 도메인을 포함하고 헤테로다이머 단백질의 제1 서브유닛에 결합할 수 있는 융합 단백질인 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계이며, 세포는 헤테로다이머 단백질을 발현하는 단계; (b) 높은 수율로 표면 캡쳐 분자를 발현하는 (a)의 세포를 검출하는 단계; (c) 높은 수율로 표면 캡쳐 분자를 발현하는 세포를 분리하고 배양하는 단계; (d) 단계 (c)의 분리되고 배양된 세포의 표면 상의 헤테로다이머 단백질을 헤테로다이머 단백질의 제2 서브유닛에 결합하는 검출 분자로 검출하는 단계; 및 (e) 그것의 표면 상에서 검출된 헤테로다이머 단백질을 가지고 있는, 단계 (d)에서 검출된 세포를 분리하는 단계를 포함한다.
 - 또 다른 양태에서, 본 발명은 높은 수준의 면역글로불린을 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 방법을 제공하는 데, (a) 세포를 면역글로불린에 결합할 수 있는 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계이며, 세포는 면역글로불린을 발현하는 단계; (b) 높은 수율로 표면 캡쳐 분자를 발현하는 (a)의 세포를 검출하는 단계; (c) 높은 수율로 표면 캡쳐 분자를 발현하는 세포를 분리하고 배양하는 단계; (d) 단계 (c)의 분리되고 배양된 세포의 표면 상의 면역글로불린에 결합하는 검출 분자로 면역글로불린을 검출하는 단계; 및 (e) 그것의 표면에서 검출된 면역글로불린을 가지고 있는 단계 (d)에서 검출된 세포를 분리하는 단계를 포함한다.
- [0032] 또 다른 양태에서, 본 발명은 높은 수준의 이중 특이적 항체를 생산하는 세포를 검출하고 분리하는 방법을 제공하는데, (a) 세포를 ScFv 융합 단백질과 같이, 막 앵커 도메인을 포함하는 융합 단백질이고 이중 특이적 항체에 결합할 수 있는 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계이며, 세포는 이중 특이적 항체를 발현하는 단계; (b) 높은 수율로 표면 캡쳐 분자를 발현하는 (a)의 세포를 검출하는 단계; (c) 높은 수율로 표면 캡쳐 분자를 발현하는 세포를 분리하고 배양하는 단계; (d) 단계 (c)의 분리되고 배양된 세포의 표면 상의 이중 특이적 항체에 결합하는 검출 분자로 이중 특이적 항체를 검출하는 단계; 및 (e) 그것의 표면에서 이중 특이적 항체를 가지고 있는 단계 (d)에서 검출된 세포를 분리하는 단계를 포함한다.
- [0033] 또 다른 양태에서, T-세포 수용체 (TCR) 가변 영역을 포함하는 원하는 수준의 친화도 약제를 생산하는 세포를 검출하는 방법이 제공된다.

[0029]

[0030]

[0031]

[0034]

또 다른 양태에서, 원하는 수준의 TCR-Fc를 생산하는 세포를 검출하는 방법이 제공되는데, (a) 세포를 TCR-Fc에 결합할 수 있는 Fc 수용체를 암호화하는 핵산으로 트랜스펙션하는 단계이며, 세포는 TCR-Fc에 의해 인식된 항원을 발현하는 단계; (b) 높은 수율로 TCR-Fc를 발현하는 (a)의 세포를 검출하는 단계; (c) 높은 수율로 TCR-Fc를 발현하는 세포를 분리하고 배양하는 단계; (d) 단계 (c)의 분리되고 배양된 세포의 표면 상의 검출 분자로 항원을 검출하는 단계; 및 (e) 그것의 표면에서 검출된 항원을 가지고 있는 단계 (d)에서 검출된 세포를 분리하는 단계를 포함한다.

[0035]

다양한 구체예에서, TCR은 인간 TCR 및 래트, 마우스, 또는 햄스터 TCR과 같은 설치류 TCR로부터 선택된다. 특정 구체예에서, Fc는 인간 Fc이다. 또 다른 특정 구체예에서, Fc는 인간 Fc이고 Fc 수용체는 고친화도 인간 Fc수용체이다. 특정 구체예에서, 고친화도 인간 Fc수용체는 인간 Fc y RI이다.

[0036]

다양한 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 단백질은 표면-결합된 항원이다. 특정 구체예에서, 항원은 막관통 도메인 또는 GPI 결합자로의 융합에 의해 표면에 결합된다.

[0037]

원하는 단백질을 생산하는 풍부화된 세포를 선택하는 방법의 일부 양태에서, 재조합 항원-결합 단백질은 세포 표면 캡쳐 단백질 (CSCP), 검출 분자 (DM), 및/또는 차단 분자로서 사용될 수 있다. 그러므로, 본 발명은 재조합 항원-결합 단백질을 제공한다.

[0038]

한 양태에서, 본 발명은 인간 IgG1-Fc 도메인, 인간 IgG2-Fc 도메인, 또는 인간 IgG4-Fc 도메인, 또는 예를 들어, 인간 Fc를 암호화하는, SEQ ID NO:26의 아미노산 서열을 포함하는 어떤 단백질에 결합하는 재조합 항원-결합 단백질을 제공한다. 일부 구체예에서, 재조합 항원-결합 단백질은 표면 플라스몬 공명(surface plasmon resonance) 검정에서 측정된 바와 같이 약 40 nM 미만의 K_D 로 폴리펩티드에 결합한다.

[0039]

일부 구체예에서, 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 영역 (HCVR), 또는 SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 영역 (LCVR)의 하나 이상의 상보성 결정 영역 (complementarity determining region; CDR)을 포함한다. 한 경우에서, 단백질은 SEQ ID NO:27의 아미노산 서열을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR-1), SEQ ID NO:28의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:30의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함한다. 일부 경우에서, 단백질은 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 가진 HCVR (이것들 중 일부는 SEQ ID NO:15와 동일하다) 및 SEQ ID NO: 16과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 LCVR (이것들 중 일부는 SEQ ID NO:16과 동일하다)을 포함한다.

[0040]

재조합 항원-결합 단백질은 항체이며, 검출 분자 (DM)로서 유용하다.

[0041]

일부 구체예에서, 재조합 항원-결합 단백질은 ScFv 융합 단백질이며, 일부 경우에서 SEQ ID NO:15와 적어도 95% 동일한 (또는 동일한) 아미노산 서열을 가진 중쇄 가변 도메인, SEQ ID NO:16과 적어도 95% 동일한 (또는 동일한) 아미노산 서열을 가진 경쇄 가변 도메인, 및 막 앵커 도메인을 포함한다. 한 구체예에서, 막 앵커 도메인은 인간 Fc x R1 단백질의 막관통 도메인과 같은 Fc 수용체로부터 유래되며, SEQ ID NO:17, 또는 SEQ ID NO:21에 의해 나타난 바와 같은데, 이것은 막관통 도메인, 뿐만 아니라 C-말단 세포질 도메인 (SEQ ID NO:18)을 함유한다. 한 특정 구체예에서, ScFv 융합 단백질은 SEQ ID NO:19의 아미노산 서열. 재조합 항원-결합 단백질을 갖는데, 이것은 ScFv 융합 단백질이고, CSCP 및 DM으로서 유용하다.

[0042]

또 다른 양태에서, 본 발명은 이전 양태의 항원-결합 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오티드를 제공한다. 한 구체예에서, 항원-결합 단백질이 항체인 경우에서와 같이, 폴리뉴클레오티드는 경쇄를 암호화한다. 유사하게, 폴리뉴클레오티드는 중쇄를 암호화할 수도 있다. 항원-결합 단백질이 ScFv 융합 단백질인 경우에서, 폴리뉴클레오티드는 SEQ ID NO: 19의 ScFv-Fc y RTM-cyto 융합 단백질을 암호화할 수도 있다. 예를 들어, SEQ ID NO: 20의 폴리뉴클레오티드는 SEQ ID NO:19를 암호화한다.

[0043]

또 다른 양태에서, 본 발명은 이전 양태의 폴리뉴클레오티드를 포함하는 핵산 벡터를 제공한다. 한 구체예에서, 벡터는 업스트림 프로모터에 작동 가능하게 결합되고, 다운스트림 폴리아데닐화 서열로 이어지는 폴리뉴클레오티드를 포함하는데, 이것은 항원-결합 단백질을 암호화한다. 프로모터는, 예를 들어, CMV 프로모터와 같은 어떤 프로모터도 될 수 있다. 따라서, 한 경우에서, 벡터는 SEQ ID NO:25의 서열을 함유할 수도 있다. 한 구체예에서, 벡터는 예를 들어, 네오마이신 저항성과 같이, 선택 가능한 마커를 암호화하는 핵산 서열을 함유할 수도 있다. 한 구체예에서, 벡터는 녹색 형광 단백질 (GFP)과 같은 에너지 전달 단백질, 또는 황색 형광 단백질 (YFP)과 같은 이것의 유도체를 암호화하는 핵산 서열을 함유할 수도 있다. 따라서 한 경우에서, 벡터는 SEQ ID

NO:24의 서열을 함유할 수도 있다.

[0044] 벡터는 원형 또는 선형이거나, 숙주 세포의 게놈에 대한 에피솜이거나 숙주 세포의 게놈으로 통합될 수도 있다. 일부 구체예에서, 벡터는 원형 플라스미드인데, 이것은 한 특정 구체예에서 ScFv-Fc y R-TM-cyto-암호화 폴리뉴 클레오티드에 대하여 SEQ ID NO:23의 핵산 서열을 갖고, 또 다른 특정 구체예에서는 항체 중쇄-암호화 폴리뉴클 레오티드의 핵산 서열을 포함하며, 또 다른 특정 구체예에서는 항체 경쇄-암호화 폴리뉴클레오티드의 핵산 서열을 포함한다. 일부 구체예에서, 벡터는 선형 구조물인데, 이것은 숙주 세포 염색체로 통합될 수도 있다. 한 특정 구체예에서, 선형 구조물은 ScFv-Fc y R-TM-cyto-암호화 폴리뉴클레오티드에 대하여 SEQ ID NO:22의 핵산 서열을 갖는다. 또 다른 특정 구체예에서, 선형 구조물은 항체 중쇄-암호화 폴리뉴클레오티드의 핵산 서열을 포함한다. 또 다른 특정 구체예에서, 선형 구조물은 항체 경쇄-암호화 폴리뉴클레오티드의 핵산 서열을 포함한다.

숙주 세포는 어떤 세포, 원핵세포 또는 진핵세포도 될 수 있다. 하지만, 한 특정 구체예에서, 숙주 세포는 CHO 세포, 예를 들어, CHO-K1 세포이다.

또 다른 양태에서, 본 발명은 이전 양태의 항원-결합 단백질을 발현하고, 및/또는 이전 양태의 폴리뉴클레오티드 또는 핵산 벡터를 함유하는 숙주 세포를 제공한다. 일부 구체예에서, 숙주 세포는 CHO 세포이다. 특정 구체예에서, 숙주 세포는 CHO-K1 세포이다. 한 구체예에서, 숙주 세포는 원하는 단백질의 생산에 사용되고, 항원-결합 단백질은 본 출원에서 개시된 방법에 따라 세포 표면 캡쳐 단백질로서 사용된다.

한 양태에서, 본 발명은 원하는 단백질의 생산에 있어서 유용한 숙주 세포를 제공한다. 숙주 세포는 이전 양태의 폴리뉴클레오티드 또는 핵산 벡터를 가지고 있고, 이전 양태의 항원-결합 단백질을 생산하는데, 이것은 세포표면 캡쳐 단백질로서 역할을 한다. 세포 표면 캡쳐 단백질은 숙주 세포 내부에서 원하는 단백질에 결합하고, 세포의 분비 기구를 통해 전달되며, 숙주 세포의 표면 상에서 발현된다. 따라서, 한 구체예에서, 숙주 세포는 숙주 세포 원형질막에 위치한 세포 표면 캡쳐 단백질을 포함하며, 캡쳐링 모이어티(capturing moiety)는 세포의 외부에 직면한다. 한 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자는 원하는 단백질에 결합되는데, 이것은 원형질 막에 위치하고 세포의 외부로 배향된다.

한 구체예에서, 숙주 세포는 Fc 도메인을 함유하는 원하는 단백질에 결합하는 ScFv 융합 단백질을 생산하거나 또는 생산할 수 있는데, 이것은 IMGT 위치 95에서 히스티딘 및 IMGT 위치 96에서 티로신을 함유한다. 예는 IgG1, IgG2, 및 IgG4 단백질을 포함한다. 한 구체예에서, ScFv 융합 단백질은 SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, 및 SEQ ID NO:31에서 제시된 아미노산 서열을 함유한다. 한 특정 구체예에서, ScFv 융합 단백질은 SEQ ID NO:19의 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구체예에서, 숙주 세포는 원형질 막에 위치하고 IgG1, IgG2 또는 IgG4, 또는 IgG1, IgG2 또는 IgG4 중 적어도 하나의 중쇄를 함유하는 이중 특이적 항체에 결합되며, 또 다른 타입이거나 하나 이상의 아미노산 치환을 함유하는 제2 중쇄를 가질 수도 있는 세포 표면 캡쳐 단백질을 포함한다.

한 양태에서, 본 발명은 IMGT 엑손 넘버링(exon numbering) 시스템에 따라 (a) 95R, 및 (b) 95R 및 96F, 또는 EU 넘버링 시스템에 따라 (a') 435R, 및 (b') 435R 및 436F로 구성된 군으로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 치환을 포함하는 치환된 CH3 폴리펩티드에 결합하는 재조합 항원-결합 단백질, 또는 예를 들어, 치환된 인간 Fc (Fc*로도 알려져 있음)를 암호화하는, SEQ ID NO:42의 아미노산 서열을 포함하는 어떤 단백질도 제공한다. 일부 구체예에서, 재조합 항원-결합 단백질은 표면 플라스몬 공명 검정에서 측정된 바와 같이 약 60 nM 미만의 Kp로 폴리펩티드에 결합한다.

일부 구체예에서, 재조합 항원-결합 단백질은 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 영역 (HCVR), 또는 SEQ ID NO:39과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 영역 (LCVR)의 하나 이상의 상보성 결정 영역 (CDR)을 포함한다. 한 경우에서, 단백질은 SEQ ID NO:32의 아미노산을 갖는 중쇄 CDR-1 (HCDR1), SEQ ID NO:33의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-2, SEQ ID NO:34의 아미노산 서열을 갖는 HCDR-3, SEQ ID NO:35의 아미노산 서열을 갖는 경쇄 CDR-1 (LCDR-1), 및 SEQ ID NO:36의 아미노산 서열을 갖는 LCDR-2를 포함한다. 일부 경우에서, 단백질은 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 아미노산 서열을 갖는 HCVR (이것들 중 일부는 SEQ ID NO:38과 동일하다)을 포함한다.

일부 구체예에서, 재조합 항원-결합 단백질은 항체인데, 이것은 중쇄 및 경쇄를 포함한다. 중쇄는 SEQ ID NO:40 과 적어도 95% 동일한 (또는 100% 동일한) 아미노산 서열을 포함할 수도 있다. 경쇄는 SEQ ID NO:41과 적어도 95% 동일한 (또는 100% 동일한) 아미노산 서열을 포함할 수도 있다. 항체인 재조합 항원-결합 단백질은 검출 분

[0045]

[0047]

[0048]

[0049]

[0050]

[0051]

자 (DM)로서 유용하다.

[0052] 일부 구체예에서, 재조합 항원-결합 단백질은 ScFv 융합 단백질인데, 이것은 일부 경우에서 SEQ ID NO:38과 적어도 95% 동일한 (또는 동일한) 아미노산 서열을 갖는 중쇄 가변 도메인, SEQ ID NO:39와 적어도 95% 동일한 (또는 동일한) 아미노산 서열을 갖는 경쇄 가변 도메인, 및 막 앵커 도메인을 포함한다. 한 구체예에서, 막 앵커 도메인은, 인간 Fc y R1 단백질의 막관통 도메인과 같이, Fc 수용체로부터 유래되며, SEQ ID NO:17, 또는 SEQ ID NO:21에 의해 나타난 바와 같은데, 이것은 막관통 도메인, 뿐만 아니라 SEQ ID NO:19의 C-말단 세포질 도메인을 함유한다. 한 특정 구체예에서, ScFv 융합 단백질은 SEQ ID NO:43의 아미노산 서열을 갖는다. 재조합 항원 -결합 단백질은 ScFv 융합 단백질이며, CSCP 및 DM로서 유용하다.

또 다른 양태에서, 본 발명은 이전 양태의 항원-결합 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오티드를 제공한다. 한 구체예에서, 항원-결합 단백질이 항체인 경우에서와 같이, 폴리뉴클레오티드는 경쇄, 예를 들어, SEQ ID NO:41의 경쇄를 암호화한다. 유사하게, 폴리뉴클레오티드는 중쇄, 예를 들어, SEQ ID NO:40의 중쇄를 암호화할 수도 있다. 항원-결합 단백질이 ScFv 융합 단백질인 경우에서, 폴리뉴클레오티드는 SEQ ID NO:43의 ScFv-Fc ɣ R-TM-cyto 융합 단백질을 암호화할 수도 있다. 대표적인 예의 폴리뉴클레오티드는 각각 SEQ ID NO:49, 50 및 51의 상기 폴리뉴클레오티드를 포함한다.

또 다른 양태에서, 본 발명은 이전 양태의 폴리뉴클레오티드를 포함하는 핵산 벡터를 제공한다. 한 구체예에서, 벡터는 업스트림 프로모터에 작동 가능하게 결합되고, 다운스트림 폴리아데닐화 서열로 이어지는 폴리뉴클레오티드를 포함하는데, 이것은 항원-결합 단백질을 암호화한다. 프로모터는, 예를 들어, CMV 프로모터와 같은 어떤 프로모터도 될 수 있다. 따라서 한 경우에서, 벡터는 SEQ ID NO:47의 서열을 함유할 수도 있다. 한 구체예에서, 벡터는, 예를 들어, 네오마이신 저항성과 같은 선택 가능한 마커를 암호화하는 핵산 서열을 함유할 수도 있다. 한 구체예에서, 벡터는 녹색 형광 단백질 (GFP)과 같은 녹색 형광 에너지 전달 단백질, 또는 황색 형광 단백질 (YFP)과 같은 이것의 유도체를 암호화하는 핵산 서열을 함유할 수도 있다. 따라서 한 경우에서, 벡터는 SEQ ID NO:46의 서열을 함유할 수도 있다.

벡터는 원형 또는 선형이거나, 숙주 세포의 게놈에 대한 에피솜이거나 숙주 세포의 게놈에 통합될 수도 있다. 일부 구체예에서, 벡터는 원형 플라스미드인데, 이것은 한 특정 구체예에서, ScFv-Fc ɣ R-TM-cyto-암호화 폴리뉴 클레오티드에 대하여 SEQ ID NO:44의 핵산 서열을 갖고, 또 다른 특정 구체예에서는 항체 중쇄-암호화 폴리뉴클레오티드의 핵산 서열을 가지며, 또 다른 특정 구체예에서는 항체 경쇄-암호화 폴리뉴클레오티드의 핵산 서열을 갖는다. 일부 구체예에서, 벡터는 선형 구조물인데, 이것은 숙주 세포 염색체로 통합될 수도 있다. 한 특정 구체예에서, 선형 구조물은 ScFv-Fc ɣ R-TM-cyto-암호화 폴리뉴클레오티드에 대하여 SEQ ID NO:51의 핵산 서열을 포함한다. 또 다른 특정 구체예에서, 선형 구조물은 항체 중쇄-암호화 폴리뉴클레오티드에 대하여 SEQ ID NO:50의 핵산 서열을 포함한다. 또 다른 특정 구체예에서, 선형 구조물은 항체 경쇄-암호화 폴리뉴클레오티드에 대하여 SEQ ID NO:50의 핵산 서열을 포함한다.

숙주 세포는 어떤 세포, 원핵세포 또는 진핵세포도 될 수 있다. 하지만, 한 특정 구체예에서, 숙주 세포는 CHO-세포, 예를 들어, CHO-K1 세포이다.

또 다른 양태에서, 본 발명은 이전 양태의 항원-결합 단백질을 발현하고, 및/또는 이전 양태의 폴리뉴클레오티드 또는 핵산 벡터를 함유하는 숙주 세포를 제공한다. 일부 구체예에서, 숙주 세포는 CHO 세포이다. 특정 구체예에서, 숙주 세포는 CHO-K1 세포이다. 한 구체예에서, 숙주 세포는 원하는 단백질의 생산에 사용되고, 항원-결합 단백질은 본 출원에서 개시된 방법에 따라 세포 표면 캡쳐 단백질로서 사용된다.

한 양태에서, 본 발명은 원하는 단백질의 생산에 있어서 유용한 숙주 세포를 제공한다. 숙주 세포는 이전 양태의 폴리뉴클레오티드 또는 핵산 벡터를 가지고 있고, 이전 양태의 항원-결합 단백질을 생산하는데, 이것은 세포표면 캡쳐 단백질로서 역할을 한다. 세포표면 캡쳐 단백질은 숙주 세포 내부에서 원하는 단백질에 결합하고, 세포의 분비 기구를 통해 전달되며, 숙주 세포의 표면 상에서 발현된다. 따라서, 한 구체예에서, 숙주 세포는 숙주 세포 원형질막에 위치한 세포표면 캡쳐 단백질을 포함하며, 캡쳐링 모이어티는 세포의 외부에 직면한다. 한 구체예에서, 세포표면 캡쳐 분자는 원하는 단백질에 결합되는데, 이것은 원형질 막에 위치하고 세포의 외부로 배향된다.

한 구체예에서, 숙주 세포는 Fc 도메인을 함유하는 원하는 단백질에 결합하는 ScFv 융합 단백질을 생산하거나 또는 생산할 수 있는데, 이것은 IMGT 위치 95에서 아르기닌 및 IMGT 위치 96에서 티로신을 함유한다 (Fc*). 예는 IgG3 및 IgG1, IgG2, 및 IgG4 단백질의 치환된 CH3 영역을 포함한다. 한 구체예에서, ScFv 융합 단백질은

[0053]

[0054]

[0055]

[0056]

[0057]

[0058]

[0059]

SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36 및 SEQ ID NO:37에서 제시된 아미노산 서열을 함유한다. 한 특정 구체예에서, ScFv 융합 단백질은 SEQ ID NO:43의 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구체예에서, 숙주 세포는 원형질 막에 위치하고 IgG3 또는 치환된 IgG1, IgG2 또는 IgG4에 결합된 세포 표면 캡쳐 단백질을 포함하는데, 이것은 IMGT 위치 95에서 아르기닌 및 IMGT 위치 96에서 페닐알라닌 ("Fc*"), 또는 Fc* 타입의 적어도 하나의 중쇄 및 IgG1, IgG2 또는 IgG4 야생형의 다른 중쇄를 함유하는 이중 특이적 항체를 함유한다.

[0060]

또 다른 양태에서, 본 발명은 원하는 단백질 (POI)을 안정하게 발현하는 세포를 검출하거나, 분리하거나, 또는 풍부하게 하는 방법을 제공한다. 방법은 숙주 세포에서 세포 표면 캡쳐 단백질 (CSCP) 및 POI를 발현하는 단계를 포함한다. 이 방법에 따라, CSCP는 POI 상의 "제1 부위"에 결합하여 숙주 세포 내부에서 CSCP-POI 복합체를 형성한다. 이 CSCP-POI 복합체는 그때 숙주 세포의 분비 세스템을 통해 전달되고, 세포로부터 분비된다. CSCP가막 결합 도메인 (예를 들어, SEQ ID NO:17)을 함유하기 때문에, CSCP-POI 복합체는 숙주 세포의 표면 상에서 디스플레이되며, POI는 세포 외부에 노출된다. 방법에 따라서, 숙주 세포는 그때 검출 분자 (DM)와 접촉되는데, 이것은 POI 상의 "제2 부위"에 결합한다. DM에 결합하는 상기 세포는 확인, 분리, 풀링(pooling), 및/또는 풍부화(enrichment)에 대하여 선택된다. 한 구체예에서, DM-결합된 숙주 세포는 형광 활성화된 세포 분류에 의해 선택된다.

[0061]

한 구체예에서, 방법은 또한 숙주 세포를 선택하기 전에 세포를 차단 분자와 접촉시키는 단계를 포함한다. 차단 분자는 POI에 결합되지 않은 어떤 CSCP에도 결합한다. 차단 분자는 CSCP-POI 복합체에 결합하지 않는다.

[0062]

일부 구체예에서, POI는 두 개의 중쇄 및 두 개의 경쇄를 포함하는 항체와 같은 다수의 서브유닛을 함유한다. 상기 경우에서, POI 상의 제1 부위는 제1 서브유닛 상에 있을 수도 있고, POI 상의 제2 부위는 제2 서브유닛 상에 있을 수도 있다. 일부 구체예에서, POI는 헤테로다이머 단백질과 같은 다수의 서브유닛을 함유한다. 헤테로다이머 단백질의 경우에서, POI 상의 제1 부위는 제1 수용체와 같은 제1 서브유닛 상에 있을 수도 있고, POI 상의 제2 부위는 제2 수용체 또는 공수용체와 같은 제2 서브유닛 상에 있을 수도 있다. 일부 구체예에서, 헤테로다이머 단백질은 상호작용하여 헤테로다이머를 형성하는 상이한 수용체이다. POI가 항체인 경우, POI 상의 제1 부위는 제1 중쇄 상에 있을 수도 있다. 일부 구체예에서, 항체는 여생형 CH3 도메인을 갖는 적어도 하나의 중쇄 및 CH3 도메인에서 적어도 하나의 아미노산 치환을 가진다른 중쇄를 항체와 같이, 적어도 하나의 아미노산이 다른 서브유닛을 함유한다. 이 경우에서, CSCP는 본원에서 설명된 바와 같이 항원-결합 단백질, 예를 들어, 항원 또는 항-Ig ScFv 융합 단백질일 수도 있다. 본원에서, 검출 분자 (DM)는 본원에서 설명된 바와 같이 표지된 재조합 항원-결합 단백질, 예를 들어, 표지된 항원 또는 항-Ig 항체 또는 ScFv 분자를 포함할 수도 있다.

[0063]

일부 경우에서, 예를 들어 POI가 이중 특이적 항체인 경우에, 제1 부위는 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 히스티딘 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 티로신 잔기를 함유하는 CH3 도메인을 갖는 중쇄 상에 존재할 수도 있다 (Fc). 그때, 제2 부위는 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 아르기 닌 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 페닐알라닌 잔기를 함유하는 CH3 도메인을 갖는 중쇄 상에 존재할 수도 있다 (Fc*). 이 경우에서, CSCP는 SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, 및 SEQ ID NO:31의 아미노산을 함유하는 ScFv 융합 단백질과 같이, 이전 양태에서 설명된 항원-결합 단백질일 수도 있는데; 이것은 특정 구체예에서 SEQ ID NO:19를 포함한다. 또한 본원에서 검출 분자 (DM)는 SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, 및 SEQ ID NO:37의 아미노산 서열을 함유하는 항체 또는 ScFv 분자와 같이, 이전 양태에서 설명된 표지된 재조합 항원-결합 단백질을 포함할 수도 있는데; 이것은 특정 구체예에서 SEQ ID NO:40 및 SEQ ID NO:41 (항-Fc* 항체), 또는 SEQ ID NO:43 (ScFv*)을 포함한다. 본원에서, 차단 분자는 hFc와 같은 Fc 폴리펩티드 (예를 들어, 단일 사슬), 또는 DM에 결합하지 않고 CSCP에 결합할 수 있는 어떤 분자도 될 수 있다. 한 구체예에서, 검출 분자는 표지된 항-인간 IgG F(ab')2일 수도 있다.

[0064]

POI가 이중 특이적 항체인 경우에서, 제1 부위는 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 아르기닌 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 페닐알라닌 잔기 (Fc*)를 함유하는 CH3 도메인을 갖는 중쇄 상에 있을 수도 있다. 그때, 제2 부위는 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 95에서 히스티딘 잔기 및 IMGT 엑손 넘버링 시스템에 따라 위치 96에서 티로신 잔기를 함유하는 CH3 도메인을 갖는 중쇄 상에 있을 수도 있다. 이 경우에서, CSCP는 SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, 및 SEQ ID NO:37의 아미노산 서열을 함유하는 ScFv 융합 단백질과 같이, 이전 양태에서 설명된 항원-결합 단백질일 수도 있는데; 이것은 특정 구체예에서 SEQ ID NO:43을 포함한다. 또한, 본원에서는, 검출 분자 (DM)는 SEQ ID NO:27,

SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, 및 SEQ NO:31의 아미노산 서열을 함유하는 항체 또는 ScFv 분자와 같이, 이전 양태에서 설명된 표지된 재조합 항원-결합 단백질을 포함할 수도 있는데 이것은 특정 구체예에서 중쇄 및 경쇄 (항-hFc 항체), 또는 SEQ ID NO: 19 (ScFv)를 포함한다. 여기에서, 차단 분자는 Fc* 폴리펩티드 (예를 들어, 단일 사슬), 또는 DM에 결합하지 않고 CSCP에 결합할 수 있는 어떤 분자도 될 수 있다. 한 구체예에서, 검출 분자는 표지된 항-인간 IgG F(ab')2일 수도 있다.

[0065]

일부 양태에서, 본 발명은 헤테로다이머 단백질을 안정하게 발현하는 세포를 검출하거나 분리하는 방법을 제공하는데 (a) 숙주 세포에서 세포 표면 캡쳐 단백질 (CSCP) 및 헤테로다이머 단백질을 발현하는 단계이며, (i) CSCP는 헤테로다이머 단백질 상의 제1 부위에 결합하여 숙주 세포 내부에서 CSCP-헤테로다이머 단백질 복합체를 형성하고, (ii) CSCP-헤테로다이머 단백질 복합체는 숙주 세포를 통해 전달되며, (iii) 그때 숙주 세포의 표면 상에 디스플레이되는 단계; (b) 숙주 세포를 검출 분자와 접촉시키는 단계이며, 검출 분자는 헤테로다이머 단백질 상의 제2 부위에 결합하는 단계; 및 (c) 검출 분자에 결합하는 숙주 세포를 선택하는 단계를 포함한다. 일부 구체예에서, 헤테로다이머 단백질은 다수의 서브유닛을 포함하며 헤테로다이머 단백질 상의 제1 부위는 제1 서브유닛 상에 있고, 헤테로다이머 단백질 상의 제2 부위는 제2 서브유닛 상에 있다. 일부 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자는 제1 서브유닛에는 결합할 수 있지만 제2 서브유닛에는 결합할 수 없는 항원, 단백질 A, 또는 ScFv를 포함한다.

[0066]

한 양태에서, 본 발명은 숙주 세포에서 세포 표면 캡쳐 단백질 ("CSCP"), 항체 경쇄, IMGT 위치 95에서 히스티딘 및 IMGT 위치 96에서 티로신을 포함하는 CH3 도메인을 함유하는 제1 항체 중쇄, 및 IMGT 위치 95에서 아르기닌 및 IMGT 위치 96에서 페닐알라닌을 포함하는 CH3 도메인을 함유하는 제2 항체 중쇄를 발현하는 단계를 포함하는 이중 특이적 항체를 생산하는 방법을 제공한다. 숙주 세포 내부에서, CSCP는 제1 항체 중쇄에 결합하지만제2 항체 중쇄에 결합하지 않는 한편, 제2 항체 중쇄는 제1 항체 중쇄에 결합하며, 경쇄는 중쇄에 결합하고, 따라서 CSCP-항체 삼중 복합체를 형성한다. 이 삼중 복합체는 숙주 세포의 표면 상으로 분비되어 제공된다. 숙주 세포는 차단 분자와 접촉될 수도 있는데, 이것은 세포 표면 상에, 하지만 CSCP가 원하는 항체에 결합하지 않는 상기 경우, 즉, "빈" CSCP에서만 CSCP에 결합한다. 숙주 세포는 그때 제2 항체 중쇄에 결합하거나 걸합할 수 있는 DM에 접촉된다. DM에 결합하는 숙주 세포가 확인되고, 선택되고, 및/또는 풀링된다. 일부 구체예에서, DM에 결합하는 숙주 세포가 선택되고, 풀링되고, 배양되고 확장되고, 그때 또 다른 라운드의 발현, 검출, 선택, 풀링 및 확장을 받는다. 이 공정은 높은 역가의 이중 특이적 항체의 생산을 풍부화하기 위해 여러 번 반복될 수도 있다.

[0067]

한 구체예에서, 방법에 이용된 CSCP는 SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, 및 SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 함유하는 ScFv-융합 단백질이다. 한 구체예에서, CSCP는 SEQ ID NO:19의 아미노산 서열을 포함한다. 한 구체예에서, 방법에서 이용된 DM은 SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, 및 SEQ ID NO:37의 아미노산 서열을 함유하는 단백질이다. 한 구체예에서, DM은 SEQ ID NO:40의 중쇄 서열 및 SEQ ID NO:41의 경쇄 서열을 포함하는 항체이다. 또 다른 구체예에서, DM은 SEQ ID NO:43의 아미노산 서열을 함유하는 ScFv 융합 단백질이다. 표지, 예를 들어, 형광 모이어티 유사 FITC 또는 Alexa Fluor® 488이 DM에 부착될 수도 있다. 형광 활성화된 세포 분류는 검출 및 선택 수단으로서 사용될 수도 있다.

[0068]

대안의 구체예에서, 이중 특이적 항체를 생산하는 방법은 숙주 세포에서 세포 표면 캡쳐 단백질 ("CSCP"), 항체경쇄, IMGT 위치 95에서 아르기닌 및 IMGT 위치에서 페닐알라닌 96 (Fc*)를 포함하는 CH3 도메인을 함유하는 제1 항체 중쇄, 및 IMGT 위치 95에서 히스티딘 및 IMGT 위치 96에서 티로신을 포함하는 CH3 도메인을 함유하는 제2 항체 중쇄를 발현하는 단계를 포함한다. 숙주 세포 내에서, CSCP는 제1 항체 중쇄에 결합하지만 제2 항체 중쇄에 결합하지 않는 한편, 제2 항체 중쇄는 제1 항체 중쇄에 결합하고, 경쇄는 중쇄에 결합하며, 따라서 CSCP-항체 삼중 복합체를 형성한다. 이 삼중 복합체는 숙주 세포의 표면 상으로 분비되고 제공된다. 숙주 세포는 차단 분자와 접촉될 수도 있는데, 이것은 세포 표면 상에서, 하지만 CSCP가 원하는 항체에 결합하지 않는 상기 경우, 즉, "빈" CSCP에서만 CSCP에 결합한다. 숙주 세포는 그때 제2 항체 중쇄에 결합하거나 결합할 수 있는 DM과접촉된다. DM에 결합하는 숙주 세포가 확인되고, 선택되고, 및/또는 풀링된다. 일부 구체예에서, DM에 결합하는 숙주 세포가 선택되고, 풀링되고, 배양되고 확장되고, 그때 또 다른 라운드의 발현, 검출, 선택, 풀링 및 확장을 받는다. 이 공정은 높은 역가의 이중 특이적 항체의 생산을 풍부화하기 위해 여러 번 반복될 수도 있다.

[0069]

이 대안의 구체예 중 한 구체예에서, 방법에서 이용된 CSCP는 SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, 및 SEQ ID NO:37의 아미노산 서열을 함유하는 ScFv-융합 단백질이다. 한 구체예에서, CSCP는 SEQ ID NO:43의 아미노산 서열을 포함한다. 한 구체예에서, 방법에서 이용된 DM은 SEQ ID NO:27, SEQ

ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, 및 SEQ ID NO:31의 아미노산 서열을 함유하는 단백질이다. 한 구체예에서, DM은 중쇄 서열 및 경쇄 서열을 포함하는 항체이다. 또 다른 구체예에서 DM은 SEQ ID NO: 19의 아미노산 서열을 함유하는 ScFv 융합 단백질이다. 표지, 예를 들어, 형광 모이어티 유사 FITC 또는 Alexa Fluor® 488은 DM에 부착될 수도 있다. 형광 활성화된 세포 분류는 검출 및 선택 수단으로서 사용될 수도 있다.

- [0070] 첫 번째 구체예 및 대안의 구체예 둘 다에서, 반복적인 선택, 풀링 및 확장의 생성물인 숙주 세포는 적어도 2 g/L의 역가로 이중 특이적 항체를 생산할 수 있거나, 또는 생산하며, 이중 특이적 항체 종 (Fc/Fc*)은 숙주 세포에 의해 생산된 전체 항체 중 적어도 40 질량% (Fc/Fc + Fc Fc* + Fc/Fc*)를 나타낸다.
- [0071] 다른 목적 및 이점은 다음의 상세한 설명의 검토로부터 분명해질 것이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0072] 본 방법이 설명되기 전에, 본 발명은 특별한 방법, 및 설명된 실험 조건에 제한되지 않기 때문에, 방법 및 조건은 달라질 수도 있는 것으로 이해되어야 한다. 또한 본원에서 사용된 용어는 특별한 구체예를 설명하기 위한 목적만을 위한 것이며, 본 발명의 범위는 첨부된 청구범위에 의해서만 제한될 것이기 때문에 제한하려는 것이 아닌 것으로 이해되어야 한다.
- [0073] 본 명세서 및 첨부된 청구범위에서 사용된 바와 같이, 단수형 "하나의(a)", "하나의(an)", 및 "그(the)"는 문맥이 분명하게 달리 지시하지 않으면 복수의 지시대상을 포함한다. 따라서 예를 들어, "방법"에 대한 지시대상은 하나 이상의 방법들, 및/또는 본원에서 설명된 및/또는 본 개시물 등의 판독 시 당업자에게 분명해질 타입의 단계들을 포함한다.
- [0074] 달리 정의되지 않으면, 본원에서 사용된 모든 기술적 및 과학적 용어들은 본 발명이 속한 업계의 당업자에 의해 보통 이해되는 바와 같은 의미를 갖는다. 본원에서 설명된 것들과 유사하거나 동등한 어떤 방법 및 재료도 본 발명의 실행 또는 테스트에 사용될 수 있지만, 바람직한 방법 및 재료가 지금 설명된다. 본원에서 언급된 모든 간행물은 그 전문이 본원에 참고로 포함된다.

[0075] 일반적인 설명

[0077]

[0078]

- [0076] 본 발명의 방법은 단백질-분비 세포를 분리하고 확인하는 현재의 방법보다 상당한 이점을 제공한다. 예를 들어, 항체를 분비하는 세포는 원하는 특이성, 친화력, 또는 이소타입을 기반으로 하여 신속하고 편리하게 분리될 수도 있다. 게다가, 생산된 분비된 단백질의 양은 선행 업계의 많은 방법들과 달리 직접적으로 정량될 수도 있으며 분비된 단백질의 생산은 간접적으로 정량된다.
 - 최근에, 유동 세포 분석법을 활용하는 두 가지 추가의 방법이 안정한 고발현 세포주의 고속 대용량 분리를 위해 개발되었다. 첫 번째 방법은 GOI mRNA에 대한사적 판독을 포함하기 위해 발현 플라스미드의 변형을 수반한다. 이것은 GOI의 종결 코돈과 말단 폴리 A 부위 사이에, 내부 리보솜 진입 부위 (IRES) 및 단백질 생성물이 유동 세포 분석법에 의해 쉽게 관찰되는 유전자, 가장 빈번하게 녹색 형광 단백질 (GFP)를 삽입함으로써 가장 자주 달성된다 (Meng et al. (2000) Gene 242:201). IRES의 존재는 POI 및 GFP가 같은 mRNA로부터 번역되게 한다. 그러므로, GFP 유전자의 발현 수준은 GOI에 대한 mRNA 수준에 간접적으로 관련된다. 높은 수준으로 GFP를 축적 하는 클론이 유동 세포 분석법에 의해 분리되고 그때 POI 생산을 위해 스크리닝된다. 이 방법이 재조합 구조물에서 IRES의 사용에 의해 GOI 발현과 리포터 유전자의 커플링에 의존하기 때문에, 그것은 히브리도마의 분리에 적용 가능하지 않다.
 - 발현 클론의 분리에 있어서 유동 세포 분석법의 사용은 고속 대용량 포맷에서 많은 수의 클론의 신속한 분석을 허용한다. 게다가, 유동 세포 분석법의 사용은 세포의 직접적인 핸들링(handling)을 크게 감소시킨다. 불행하게 도, GFP 생산 수준이 POI의 생산 수준의 직접적인 측정값은 아니다. 다양한 메커니즘은 분비된 POI의 생산을 GFP의 축적으로부터 분리시킬 수도 있다. POI 및 GFP 리포터의 생산에 있어서 차이는 두 유전자의 번역 효율, POI의 분비 효율, 또는 폴리시스트론성 mRNA의 안정성에 있어서 차이에서 기인할 수도 있다.
- [0079] 발현 클론을 분리하기 위해 유동 세포 분석법을 사용하는 또 다른 방법은 아가로스 미세방울 내 세포의 캡슐화를 수반한다 (Weaver et al. (1990) Methods Enzymol. 2:234). 이 방법에서 POI에 특이적인 비오티닐화된 항체는 스트렙타비딘을 통해 비오티닐화된 아가로스에 결합되고 이로 인해 분비된 POI가 미세방울 내에 캡쳐되고 유지된다 (Gray et al., (1995) J. Immunol. Methods 182:155). 트랩핑된(trapped) POI는 POI에 특이적인 항체로의 면역-염색에 의해 검출된다. 인접한 세포로부터 분비된 흡수적 POI로부터 캡슐화된 아가로스를 감소시키기위해서, 세포는 저-투과성 배지에 배치된다. 임베딩(embedding) 아가로스에서 POI의 최고 항체 염색된 상기 세

포가 유동 세포 분석법에 의해 확인되고 분리된다. 겔 미세방울 접근법은 GOI mRNA의 발현에 대하여 간접 스크리닝하는 대신에, POI를 분비하는 능력에 대하여 세포를 직접 스크리닝하지만, 분비된 POI를 트랩핑하고 염색하는데 적합한 항체의 이용 가능성이 필요하고 과정은 아가로스 겔 미세방울을 생성하기 위해 특별한 장치가 필요하다. 게다가, 일부 세포는 캡슐화 공정에 민감할 수도 있다.

[0800]

본 방법의 변형은 POI에 특이적인 항체를 세포 표면에 직접적으로 결합시킴으로써 매트릭스(matrix)에서 세포의임베딩에 대한 필요 조건을 피한다 (Manz et al. (1995) PNAS 92:1921-1925). 본 방법에서, 비오틴-히드록시숙시니미드 에스테르로 세포 표면 단백질의 비-특이적 비오티닐화는 POI에 결합할 수 있는 스트랩타비딘-컨쥬게이션된(conjugated) 항체와 접촉으로 이어진다. POI를 분비하는 세포는 그때 적절하게 표지된 2차 항체로 검출되는 POI로 도포되었다. 하지만, 주변 세포 사이에서 POI의 확산은 문제가 있으며, 이 방법은 또한 POI의 확산을 감소시키기 위해 고점성 배지를 필요로 한다. 이 고점성 배지가 세포의 식별에 필요하기 때문에, 세포는 세척되어야 하고 필요한 경우에는 세포 분류에 적합한 배지에 배치되어야 한다.

[0081]

고발현 재조합 세포주의 확인 및 분리와 관련된 문제는 특히 원하는 항체를 발현하는 히브리도마의 분리에 적용된다. 하지만, 유용한 히브리도마의 확인은 여러 추가의 문제들을 포함하는데; 그것들은 먼저 항원-결합 활성에 대하여, 그 다음에 면역글로불린 이소타입에 대하여 스크리닝되어야 한다. 게다가, GFP-기반 방법은 히브리도마의 확인 및 분리에 적용 가능하지 않는데 히브리도마의 구조가 재조합 구조를 포함하지 않고 이로 인해 항체 유전자의 발현이 GFP와 같은 전사 리포터에 결합될 수 있기 때문이다. 스크리닝되는 클론의 수가 기존의 기술에 의해 제한되는 경우에 히브리도마 스크리닝은 느리고, 힘든 노력이다.

[0082]

본 발명은 분비된 단백질을 생산하는 세포를 확인하고 분리하는 새롭고 이전에 알려지지 않은 방법을 설명한다. 본 발명은 세포 표면에 위치하여, POI에 결합하는 분자를 발현하는 세포주의 생산을 기반으로 한다. 세포 표면-디스플레이된 POI는 그때 다양한 검출 분자로 표지함으로써 검출될 수 있다. 세포 표면에 디스플레이된 POI의 양은, 특이적인 조건 하에서, 분비된 POI의 총량의 직접적인 측정값이다. POI 생산자들은 그때 비-생산자들로부터 분리될 수도 있고, 생산 수준 또는 POI 특성이 구별될 수도 있다. 본 발명의 이점은 그것이 mRNA의 간접적측정 대신에 분비된 POI를 직접적으로 정량한다는 것이다.

[0083]

본 발명은 POI를 생산하는 같은 세포에서 다양한 분비된 POI에 결합하는 세포 표면 캡쳐 분자를 발현하는 구조 또는 세포의 사용에 관한 것이다. 세포가 POI를 분비하는 동안, 이 세포 표면 캡쳐 분자들이 그것에 결합하거나, 또는 POI와 세포 표면 캡쳐 분자의 복합체가 세포 내에서 형성되고 그때 분비될 수도 있다. 결합은 자가분비 방식으로 또는 분비되는 동안 발생할 수도 있다. 분비된 POI를 생산하는 세포는 그때 확인되고 분리될 수도 있다. 이러한 확인 및 분리는 POI의 특성, POI의 생산 또는 이것들의 결핍을 기반으로 할 수도 있거나, 또는 생산의 명시된 수준에 의한 것일 수도 있다. 세포 표면 캡쳐 분자 및/또는 POI는 그것의 고유한 상태에서 세포에 의해 생산될 수도 있거나, 또는 세포 표면 캡쳐 분자 및/또는 POI는 재조합에 의해 생산될 수도 있다. 구조 또는 이러한 세포의 사용을 통해서, 어떤 분비된 단백질도 제공된 세포 표면 캡쳐 분자에 의해 캡쳐될 수 있으며, 둘 사이에 해당하는 친화도가 있다는 것을 제공한다. 더 설명된 바와 같이, 어떤 분자도 그것이 세포 표면 캡쳐 분자로서 사용될 수 있도록 조작될 수 있다. 그러므로, 본 발명은 단백질을 분비하는 어떤 세포를 분리하는데 활용될 수도 있다.

[0084]

대부분의 단백질은 본 발명에 의해 설명된 바와 같이 세포 표면 캡쳐 분자로서 기능하는 능력을 가지고 있다. 필요한 것은 세포막에 고정되고 세포 외 공간에 노출되는, 원하는 단백질의 능력이다. 원하는 세포가 신호 서열을 갖고 있는 경우 제한은 아니지만 막관통 앵커 또는 GPI 결합 신호를 포함하는 막 앵커만이 세포 표면 캡쳐 분자에 추가되어야 하고 이로 인해 그것은 세포의 외부에 노출된 세포막에서 고정된 채로 유지된다. 게다가, 원하는 단백질이 신호 서열이 없는 경우, 신호 서열은 원하는 단백질의 아미노 말단에 추가될 수도 있으며, 이로 인해 그것은 세포 표면으로 전달된다. 신호 서열 및 막 앵커는 세포에 고유하거나, 재조합형이거나, 또는 합성형일 수도 있다.

[0085]

세포는 종종 내인성으로 또는 재조합 DNA의 도입 후에 다양한 단백질을 분비한다. 분비된 어떤 단백질도 확인될수 있고 그것을 생산하는 세포는 본 발명의 방법에 따라 분리될 수도 있다. 이러한 분비된 단백질은 성장 인자, 성장 인자 수용체, 리간드, 가용성 수용체 구성요소, 항체, 이중 특이적 항체, 재조합 트랩(Trap) 분자, Fc-함유 융합 단백질, sTCR, TCR-Fc, 및 펩티드 호르몬을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 이러한 분비된 단백질은 재조합형일 수도 있거나 아닐 수도 있다. 즉, 원하는 세포로부터 일부 원하는 단백질의 분비는 추가의 뉴클레오티드 서열의 도입이 필요하지 않을 수도 있다. 예를 들어, B-세포 또는 원형질 세포로부터 항체의 분비는 재조합 뉴클레오티드 서열의 B-세포 또는 원형질 세포로의 도입의 결과는 아니다. 분비된 재조합 단백질은 당업자들

에게 잘 알려져 있는 표준 분자 생물학 기술에 의해 생산될 수도 있다 (예를 들어, Sambrook, J., E. F. Fritsch And T. Maniatis. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Second Edition, Vols 1, 2, and 3, 1989; Current Protocols in Molecular Biology, Eds. Ausubel et al., Greene Publ. Assoc., Wiley Interscience, NY 참조). 이 분비된 단백질은 상업적 및 연구 목적에 유용하다. 본 발명은 본 발명의 방법론을 통해 이러한 분비된 단백질의 생산을 포함한다. 디스플레이된 POI로 세포의 검출은 디스플레이된 POI에 직접적 으로 또는 간접적으로 결합할 수 있는 어떤 분자의 사용을 통해서도 달성될 수 있다. 이러한 검출 분자는 POI를 디스플레이하는 세포의 검출 및/또는 분리를 용이하게 할 수도 있다.

[0086] 본 발명은, 그 중에서도, a) 세포 표면 캡쳐 분자로서 리간드-특이적 수용체를 사용하는 리간드-생산 세포, b) 세포 표면 캡쳐 분자로서 표면 결합된 수용체-특이적 리간드를 사용하는 가용성 수용체-생산 세포, c) 세포 표 면 캡쳐 분자로서 항체-결합 단백질을 사용하는 항체-생산 세포, d) 세포 표면 캡쳐 분자로서 s-TCR-결합 단백 질 (및, 예를 들어, TCR에 의해 인식된 항원)을 사용하는 sTCR, e) 세포 표면 캡쳐 분자로서 Fc-결합 단백질을 사용하는 TCR-Fc, 또는 f) Fc y R 막관통 및 세포질 도메인에 융합된 ScFv 도메인을 포함하는 융합 단백질 캡쳐 분자를 사용하는, 단백질 A 결합을 폐지하는 CH3 도메인 중 하나에서 돌연변이를 가지고 있는 이중 특이적 항체 의 분리에 적용 가능하다.

> 본 발명의 방법론에 따라, 세포는 먼저 세포 표면 캡쳐 분자가 발현되는 조건 하에서, 분비된 POI에 결합할 수 있는 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 뉴클레오티드 서열을 함유하는 벡터로 트랜스펙션된다. 이러한 세포 표 면 캡쳐 분자의 적절한 생산자인 트랜스펙션된 세포가 그때 검출되고 분리되며, 이러한 세포들이 배양된다. 이 세포들은 POI를 자연적으로 생산할 수도 있거나, POI는 재조합으로 생산될 수도 있다. 세포가 POI를 자연적으로 생산하는 경우, 그것들은 검출 및 분리될 준비가 되어 있다. POI가 재조합으로 생산되면, 그때 명시된 세포 표 면 캡쳐 분자를 발현하는 분리되고 배양된 세포는 분비된 POI가 발현되는 조건 하에서, POI를 암호화하는 제2 뉴클레오티드 서열로 트랜스펙션된다. 발현 시, 분비된 POI는 세포 표면 캡쳐 분자에 결합하고 결합된 POI를 나 타내는 세포가 검출되고 분리된다.

> POI가 세포에 의해 자연적으로 생산되는 경우, 세포는 POI를 암호화하는 뉴클레오티드 서열로 트랜스펙션되지 않을 것이다. 그러므로, 본 발명의 이 양태는 POI를 생산하는 모든 세포에 적용 가능하다. 게다가, 세포 표면 캡쳐 분자가 세포에 의해 자연적으로 생산되는 경우, 세포는 세포 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 뉴클레오티드 서열로 트랜스펙션될 필요가 없다. 그러므로, 본 발명의 이 양태는 세포 표면 캡쳐 분자를 생산하는 모든 세포 에 적용 가능하다.

> 다양한 숙주 세포가 트랜스펙션될 수도 있다. 이 세포들은 진핵세포 또는 원핵세포 기원의 것일 수도 있다. 세 포들은 종종 불멸화된 진핵세포, 및 특히, 포유동물 세포, 예를 들어, 원숭이 신장 세포 (COS), 중국 햄스터 난 소 세포 (CHO), HeLa 세포, 새끼 햄스터 신장 세포 (BHK), 인간 배아 신장 세포 (HEK293), 백혈구, 골수종, 제 한은 아니지만 아데노바이러스 유전자로 트랜스펙션된 불멸화된 인간 망막 세포, 예를 들어, PER.C6™ 세포를 포함하는, 아데노바이러스 유전자로 트랜스펙션된 세포주, 예를 들어, AD5 E1, 및 배아 줄기 세포일 것이다. 세 포는 또한 박테리아, 균류, 효모 및 곤충 세포를 포함하는 비포유동물 세포일 수도 있으며, 예를 들어, 에스체 리키아 콜리(Escherichia coli), 바실루스 서브틸루스(Bacillus subtilus), 아스페르질루스 종(Aspergillus species), 사카로미세스 세레비시애(Saccharomyces cerevisiae), 및 피치아 파스토리스(Pichia pastoris)를 포 함하지만, 이에 제한되지 않는다. 모든 세포들은 적절한 조건 하에 배양 트레이(tray) 배지에서 또는 시너지 작 용하는 숙주에서 키워질 수도 있다. 가장 바람직한 세포는 배양 가능한 포유동물 세포일 것이다.

> 세포 표면 캡쳐 분자에 결합된 분비된 POI는 업계에 알려져 있는 다양한 기술에 의해 검출되고 분리될 수도 있 다. 분비된 POI를 나타내는 배양 세포는 (a) 분비된 POI에 직접적으로 또는 간접적으로 결합할 수 있는 분자(들)과 접촉될 수도 있는데, 이러한 검출 분자(들)는, 예를 들어, 발색성, 형광원성, 착색된, 형광성, 또는 자성 표지와 같은 검출 표지를 함유할 수도 있다. 검출 분자에 결합된 표지가 검출될 수도 있고 세포는 다양한 방법을 사용하여 분리될 수도 있다. 가장 바람직하게, 세포 집단 내에서 표지가 검출될 것이고 세포는 유동 세 포 분석법을 이용하여 분리될 것이다. 대안으로, 검출 분자는 POI를 디스플레이하는 세포의 직접적인 분리에 사 용될 수도 있다. 이것은 검출 분자의 배양 플레이트, 상자성(paramagnetic) 분자, 또는 어떤 다른 입자 또는 고 체 지지물로의 컨쥬게이션(conjugation)에 의해 달성될 수도 있다. 게다가, 디스플레이된 POI는 검출 분자 또는 POI의 속성에 의해 직접적으로 검출될 수도 있다.

> 한 구체예에서, 서로 결합하며 별개로 표지되는 두 개의 검출 분자는 상기 상호작용을 차단하는 디스플레이된 분비된 POI를 검출하기 위해 사용된다. 세포가 제1 검출 분자에 결합하여 제1 및 제2 검출 분자 사이의 상호작

[0087]

[0088]

[0089]

[0090]

[0091]

용을 차단하는 분비된 POI를 디스플레이하는 경우, 상기 세포는 그것의 표면 상에서 제1 검출 분자만의 존재를 기반으로 하여 분리될 수도 있다. 반면에, 세포가 제1 검출 분자에 결합하지만 제1 및 제2 검출 분자 사이의 상호작용을 차단하지 않는 분비된 POI를 디스플레이하는 경우, 상기 세포는 그것의 표면 상에서 두 개의 검출 분자의 존재를 기반으로 하여 분리될 수도 있다. 예를 들어, 수용체-리간드 복합체의 형성을 특이적으로 차단하거나, 차단하지 않는 항체를 발현하는 항체 생산 세포가 확인될 수도 있다. 검출 분자가 별개로 표지되는 수용체및 그것의 리간드인 경우, 그때 수용체-리간드 복합체를 형성으로부터 차단하는 항체를 발현하는 항체 생산 세포는 그것의 표면 상에서 하나의 표지의 존재에 의해 검출될 수도 있는 반면에, 수용체-리간드 복합체를 형성으로부터 차단하지 않는 항체를 발현하는 항체 생산 세포는 그것의 표면 상의 두 개의 표지의 존재에 의해 검출될 수도 있다.

[0092]

구체예 중 어떤 것에서 및 비-발현 세포 또는 덜 발현하는 세포로부터 발현 세포를 분리하는 것에 관하여, 주된 어려움 중 하나는, POI가 분비된 단백질일 때, 주변 세포 사이에서 POI의 확산이다. 그러므로, 세포 표면 상에서 분비된 POI를 캡쳐하도록 설계된 어떤 시스템도 발현 세포에서 주변 세포로의 POI 확산 및 상기 세포에 그것의 부착을 막는 것이 중요하다. 확산이 발생하게 되고, 주변 세포가 분비된 POI로 도포되는 경우, POI 도포의정도에 기초한 세포의 분리는 고발현 세포를 낮은 발현 수준의 세포와 구별하는데 실패할 것이며, 발현 세포를 비-발현 세포로부터 효과적으로 분리하는데 실패할 수도 있다.

[0093]

그러므로 본 발명의 한 구체예는 주변 세포 사이에서 분비된 POI의 확산을 차단하는 것이다. 이것은 세포 표면 캡쳐 분자 또는 POI에 결합하여 분비된 POI의 세포 표면 캡쳐 분자로의 결합을 막는 차단 분자의 추가에 의해 달성될 수도 있다. 이 양태에서, 검출 분자는 차단 분자에 결합하지 않는다. 예를 들어, 세포 표면 수용체가 hFc y RI이고 분비된 POI가 인간 IgG Fc 단편을 소유할 때, 그때 주변 세포 사이에서 분비된 POI의 확산은 외인 성 래트 IgG의 배양 배지로의 추가에 의해 차단될 수도 있다. 분비된 POI를 디스플레이하고, 래트 IgG에 결합하지 않는 세포의 검출은 래트 IgG를 인식하지 않는 인간 IgG Fc에 특이적인 항체의 사용에 의해 성취된다. 또 다른 구체예에서, 주변 세포 사이에서 분비된 POI의 결합은 배지의 점성을 증가시킴으로써 감소된다.

[0094]

본 발명의 한 구체예에서, 분비된 POI는 배지에서 축적할 수 없다. 이것은 POI의 짧은 발현이 세포 표면 캡쳐 분자에 결합하는데 충분한 POI 하지만 확산에 불충분한 양을 발생시키도록 분비된 POI 및/또는 세포 표면 캡쳐 분자의 발현을 조절함으로써 달성될 수도 있다. 또 다른 구체예에서, 세포는 축적된 POI를 함유하는 배지로부터 제거될 수도 있으며, 세포에 결합된 POI가 벗겨지고, POI 발현은 분비된 POI가 배지에서 축적되지 않도록 제한된 기간 동안 계속하게 된다. 단백질은 업계에 알려져 있는 방법, 예를 들어, 낮은 pH 버퍼로 세포를 세척함으로써 벗겨질 수도 있다.

[0095]

본 발명에 따라, 대부분의 검출 분자에 결합하는 세포 집단에서 상기 세포들은 또한 대부분의 분비된 POI를 발현한다. 사실, 개개의 세포가 분비하는 POI가 많을 수록, 더 많은 POI가 세포 표면 상에 디스플레이된다. 표면-디스플레이된 POI의 양과 상기 세포에서 POI의 발현 수준 사이의 이 연관성은 세포의 집단에서 원하는 상대적인 발현 수준을 가진 세포를 신속하게 확인할 수 있게 한다.

[0096]

한 구체예에서, DNA 라이브러리는 세포 표면 캡쳐 분자에 의해 세포 표면 상에서 디스플레이될 수도 있는 분비된 단백질을 발현하는데 사용될 수도 있다. 예를 들어, DNA의 라이브러리는 또한 면역화된 동물로부터 분리된 B-세포의 항체 가변 도메인의 암호화 영역으로부터 발생될 수도 있다. DNA 라이브러리는 그때 원하는 특이성, 이소타입, 또는 친화력의 클론이 본 발명의 방법에 의해 확인되고 분리될 수도 있도록 항체에 특이적인 세포 표면 캡쳐 분자를 발현하는 세포에서 발현될 수도 있다. 또 다른 구체예에서, DNA의 라이브러리는 T-세포의 T 세포 수용체 가변 도메인의 암호화 영역으로부터 발생되고, 예를 들어, Fc-결합 단백질에 결합할 수 있는 Fc에 융합될 수도 있다. DNA 라이브러리는 그때 원하는 특이성, 이소타입, 또는 친화력의 클론이 본원에서 설명된 바와 같이 확인되고 분리될 수도 있도록 Fc-결합 단백질을 발현하는 세포에서 발현될 수도 있다.

[0097]

또 다른 구체예에서, 하나 이상의 세포 타입에서 특정 세포 표면 캡쳐 분자를 발현하는 트랜스제닉(transgenic) 포유동물이 생성될 수도 있다. 이러한 트랜스제닉 포유동물의 세포는 그때 직접적으로 POI의 생산을 위해 스크리닝될 수도 있다. 예를 들어, 원형질 세포에서 항체에 특이적인 세포 표면 캡쳐 분자를 발현하는 것이 바람직할 수도 있다. 따라서, 면역화된 마우스의 원형질 세포가 수확될 수도 있고 원하는 항원에 특이적인 상기 항체생산 항체는 본 발명의 방법에 의해 분리될 수도 있다.

[0098]

본 발명의 추가의 구체예에서, 항체 생산은 특정 항체 또는 POI인 TCR-Fc에 결합하는 인간 Fc y R1 수용체 (Fc y R1)를 발현하는 CHO 세포주의 사용을 통해 측정된다.

[0099]

본 발명의 또 다른 양태에서, 원하는 단백질은 하나 이상의 T 세포 수용체 가변 도메인 또는 가용성 T 세포 수용체를 포함한다. 하나 이상의 T 세포 수용체 가변 도메인은 세포 표면 캡쳐 단백질에 결합할 수 있는 모이어티에 공유결합으로 결합될 수 있다. 특정 구체예에서, 하나 이상의 T 세포 수용체 가변 도메인은 Fc 서열, 예를들어, 인간 Fc 서열에 융합되고, 세포 표면 캡쳐 단백질은 Fc 수용체, 예를 들어, Fc x R이다.

[0100]

TCR 가변 도메인의 일반적인 구조가 알려져 있다 (예를 들어, Lefranc and Lefranc (2001) The T Cell Receptor FactsBook, Academic Press 참고, 본원에서 참고로 포함됨; 예를 들어, pp. 17-20; 또한, Lefranc et al. (2003) IMGT unique numbering for immunoglobulin and T cell receptor variable domains and Ig superfamily V-like domains, Developmental and Comparative Immunology 27:55-77, 및 Lefranc et al. (2005) IMGT unique numbering for immunoglobulin and T cell receptor constant domains and Ig superfamily C-like domains, Developmental and Comparative Immunology 29:185-203 참고, 각각 본원에서 참고로 포함됨). 한 구체예에서, TCR-Fc의 TCR 가변 도메인은 104-125 아미노산의 가변 도메인을 가진 N-말단 영역을 포함한다. 또 다른 구체예에서, TCR-Fc는 91-129 아미노산을 포함하는 TCR 불변 도메인을 더 포함한다. 또다른 구체예에서, TCR-Fc는 21-62 아미노산을 포함하는 연결 펩티드를 더 포함한다.

[0101]

한 구체예에서, Fc 서열은 직접적으로 또는 결합자를 통해 TCR 가변 도메인에 융합된다. 또 다른 구체예에서, TCR-Fc는 TCR 가변 영역 및 TCR 불변 도메인을 포함하고, Fc 서열은 직접적으로 또는 결합자를 통해 TCR 불변 도메인에 융합된다. 또 다른 구체예에서, TCR-Fc는 TCR 가변 영역, TCR 불변 도메인, 및 연결 펩티드를 포함하고, Fc 서열은 직접적으로 또는 결합자를 통해 연결 펩티드에 융합된다.

[0102]

하나 이상의 T 세포 수용체 가변 영역을 포함하는 sTCR, TCR-Fc, 또는 융합 단백질은 원하는 항원, 예를 들어, 종양 세포에 의해 생산된 기질, 예를 들어, 숙주에서 면역 반응을 생산할 수 있는 종양 세포 기질에 특이적으로 결합하기 위해 선택될 수 있다. 특정 구체예에서, 항원은 종양 세포의 표면 상에 존재하고 (즉, 종양 항원), T 세포에 의해 인식되며, 숙주에서 면역 반응을 생산하는 항원이다. 종양 항원은, 예를 들어, 알파페토단백질 (AFP), 암배아 항원 (CEA), MUC-1, 상피성 종양 항원 (ETA), 티로시나제 (예를 들어, 악성 흑색종(melanoma)에 대하여), 흑색종-관련 항원 (MAGE), 및 돌연변이된 또는 비정상 형태의 다른 단백질, 예를 들어, ras, p53, 등을 포함한다.

[0103]

한 구체예에서, POI는 TCR-Fc이고, TCR-Fc는 Fc 서열에 융합된 TCR α 사슬 가변 영역 및 Fc 서열에 융합된 TCR β 사슬 (각각 직접적으로 또는 결합자를 통해)을 포함하는데, TCR α 사슬-Fc 융합체 및 TCR β 사슬-Fc 융합체는 결합하여 α β TCR-Fc를 형성한다. 특정 구체예에서, α β TCR-Fc는 다음 두 개의 폴리펩티드를 포함한다: (1) Fc 서열에 융합된 TCR α 사슬 불변 도메인에 융합된 TCR α 사슬 가변 영역, 및 (2) Fc 서열에 융합된 TCR β 사슬 가변 영역.

[0104]

또 다른 구체예에서, POI는 TCR α 가변 영역 및 TCR β 가변 영역 및, 선택적으로, TCR α 불변 도메인 및/또는 TCR β 불변 도메인을 가진 TCR-Fc이다. 특정 구체예에서, TCR-Fc는 (5'에서 3'으로) TCR α 가변 영역 서열, 이어서 선택적으로 TCR α 불변 도메인 서열, TCR β 가변 영역 서열, 이어서 선택적으로 TCR β 불변 도메인 서열, 선택적으로 결합자, 그 다음 Fc 서열을 포함하는 핵산에 의해 암호화된다. 특정 구체예에서, TCR-Fc는 (5'에서 3'으로) TCR β 가변 영역 서열, 이어서 선택적으로 TCR β 불변 도메인 서열, TCR α 가변 영역 서열, 이어서 선택적으로 TCR β 분변 도메인 서열, TCR α 가변 영역 서열, 이어서 선택적으로 TCR β 분변 도메인 서열, TCR β 가변 영역 서열, 이어서 선택적으로 TCR β 분명 도메인 서열, TCR β 가변 영역 서열, 이어서 선택적으로 전략 기가능하게 만들기 위해 신호 서열, 예를 들어, 분비 신호 서열을 앞세운다.

[0105]

또 다른 구체예에서, POI는 TCR-Fc이고, TCR-Fc는 χ δ TCR-Fc를 형성하기 위해 Fc 서열에 융합된 TCR χ 사슬 및 Fc 서열에 융합된 TCR δ 사슬 가변 영역을 포함하는 TCR-Fc를 포함한다. 특정 구체예에서, χ δ TCR-Fc는 다음 두 개의 폴리펩티드를 포함한다: (1) Fc 영역에 융합된 TCR χ 사슬 불변 도메인에 융합된 TCR χ 사슬 가변 영역, 및 (2) Fc 서열에 융합된 TCR δ 사슬 불변 도메인에 융합된 TCR δ 사슬 가변 영역.

[0106]

T 세포 수용체 가변 영역은 업계에 알려져 있는 어떤 방법에 의해서도 확인되고 및/또는 클로닝될 수도 있다. 원하는 단백질의 T 세포 수용체 가변 영역은, 예를 들어, 인간 Fc 서열에 융합된 세포에서 재배열된 T 세포 수용체 가변 영역 DNA를 발현함으로써 얻을 수 있다. 특정 항원에 특이적인 재배열된 T 세포 수용체 가변 영역은 업계에 알려져 있는 어떤 적합한 방법에 의해 (하기 참고문헌 참조), 예를 들어, 마우스를 항원에 노출시키고 마우스의 T 세포를 분리하고, 마우스의 T 세포의 히브리도마를 만들고, 원하는 히브리도마를 얻기 위해 히브리도마를 원하는 항원으로 스크리닝함으로써 얻어질 수 있다. 원하는 항원에 특이적인 재배열된 T 세포 가변 영역은 원하는 히브리도마(들)로부터 클로닝될 수 있다. 항원에 특이적인 T 세포 수용체 가변 영역은 또한, 예를 들

어, 하기 참고문헌에서 제공된 바와 같이, 파지 디스플레이 기술을 사용하여 확인될 수 있다. 가변 영역은 그때 $Fc \ \gamma R$ 인 세포 표면 캡쳐 분자에 결합할 수 있는 원하는 단백질을 만들기 위해 클로닝되고, 예를 들어, 인간 Fc 에 융합될 수 있다.

[0107]

T 세포 수용체 가변 영역을 확인하고 및/또는 클로닝하는 방법은, 예를 들어, 미국 특허 번호 제5.635,354호 (프라이머 및 클로닝 방법); Genevee et al. (1992) An experimentally validated panel of subfamilyspecific oligonucleotide primers (Vα1-w29/Vβ1-w24) for the study of human T cell receptor variable V gene segment usage by polymerase chain reaction, Eur. J. Immunol. 22:1261-1269 (프라이머 및 클로닝 방 법); Gorski et al. (1994) Circulating T cell Repertoire complexity in Normal Individuals and Bone Marrow Recipients Analyzed by CDR3 Size Spectratyping, J. Immunol. 152:5109-5119 (프라이머 및 클로닝 방법); Johnston, S. et al. (1995) A novel method for sequencing members of multi-gene families, Nucleic Acids Res. 23/15:3074-3075 (프라이머 및 클로닝 방법); Pannetier et al. (1995) T-cell repertoire diversity and clonal expansions in normal and clinical samples, Immunology Today 16/4:176-181 (클로닝 방법); Hinz, T. and Kabelitz, D. (2000) Identification of the T-cell receptor alpha variable (TRAV) gene(s) in T-cell malignancies, J. Immunol. Methods 246: 145-148 (클로닝 방법); van Dongen et al. (2002) Design and standardization of PCR primers and protocols for detection of clonal immunoglobulin and T-cell receptor gene recombinations in suspect lymphoproliferations: 미국 특허 번호 제6,623,957호 (클로닝 방법 및 프라이머); Report of the BIOMED-2 Concerted Action BMH4-CT98-3936, Leukemia 17:2257-2317 (프라이머 및 클로닝 방법); Hodges et al. (2002) Diagnostic role of tests for T cell receptor (TCR) genes, J. Clin. Pathol. 56: 1-11 (클로닝 방법); Moysey, R. et al. (2004) Amplification and one-step expression cloning of human T cell receptor genes, Anal. Biochem. 326:284-286 (클로닝 방법); Fernandes et al. (2005) Simplified Fluorescent Multiplex PCR Method for Evaluation of the T-cell receptor v β-Chain Repertoire, Clin. Diag. Lab. Immunol. 12/4:477-483 (프라이머 및 클로 닝 방법); Li, Y. et al. (2005) Directed evolution of human T-cell receptors with picomolar affinities by phage display, Nature Biotech. 23/3:349-354 (프라이머 및 클로닝 방법); Wlodarski et al. (2005) Pathologic clonal cytotoxic T-cell responses: nonrandom nature of the T-cell receptor restriction in large granular lymphocyte leukemia, Blood 106/8:2769-2780 (클로닝 방법); Wlodarski et al. (2006) Molecular strategies for detection and quantitation of clonal cytotoxic T-cell responses in aplastic anemia and myelodysplastic syndrome, Blood 108/8:2632-2641 (프라이머 및 클로닝 방법); Boria et al. (2008) Primer sets for cloning the human repertoire of T cell receptor variable regions, BMC Immunology 9:50 (프라이머 및 클로닝 방법); Richman, S. and Kranz, D. (2007) Display, engineering, and applications of antigen-specific T cell receptors, Biomolecular Engineering 24:361-373 (클로닝 방법)에 서 설명된다. sTCR의 예는, 예를 들어, 미국 특허 번호 제6,080,840호 및 제7,329,731호; 및, Laugel, B et al. (2005) Design of Soluble Recombinant T Cell Receptors for Antigen Targeting and T Cell Inhibition, J. Biol. Chem. 280:1882-1892에서 제공되며; 본원에서 참고로 포함된다. Fc 서열은 본원에서 개시되는데; Fc 서열의 예, 및 융합 단백질에서 그것들의 사용이, 예를 들어, Stahl et al의 미국 특허 번호 제6,927,044호에서 제공된다. 상기 언급된 참고문헌 모두는 본원에서 참고로 포함된다.

[0108]

본 발명의 추가의 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자는 Fc y R 캡쳐 분자에 보통 충분한 친화도로 결합할 수 없거나 또는 낮은 친화도로 결합하는 상기 원하는 단백질에 관여하고 이것을 디스플레이하도록 설계된다. 상기 원하는 단백질은 IgG4 및 IgG2 분자를 포함한다. 따라서, 모듈러(modular) 캡쳐 분자는 Fc y R 막관통 및 세포질 도메인에 융합된 ScFv 도메인을 기반으로 설계되고 만들어졌다. ScFv 도메인은 고친화도 항-인간Fc 항체로부터 유래되었고, 경쇄 가변 도메인에 융합된 중쇄 가변 도메인을 함유한다. Fc y R-TM-세포질 도메인은 원형질 막에서 적절한 삽입 및 배향을 가능하게 하는데 사용되었다. ScFv-Fc y R-TM-cyto 융합 단백질은 IgG4 및 다른 Fc 함유분자, 뿐만 아니라 IgG2 및 IgG1 서브타입, 및 적어도 하나의 야생형 CH3 도메인을 포함하는 상기 헤테로다이머 (예를 들어, 이중 특이적 항체)에 결합할 수 있는데, 다른 CH3 도메인은 Fc*-타입 치환을 함유할 수도 있다.

[0109]

본 발명의 추가의 구체예에서, 세포 표면 캡쳐 분자는 Fc* 폴리펩티드와 같이, H95R 및 Y96F 아미노산 치환 (넘 버링은 IMGT 시스템을 기반으로 함)을 포함하는 변형된 CH3 도메인, 예를 들어, SEQ ID NO: 42를 함유하는 상기원하는 단백질에 관여하고 이것을 디스플레이하도록 설계된다. 상기원하는 단백질은 이중 특이적 항체의 제조시 유용한 항체 헤테로테트라머와 같은 이적 항체를 포함하는데 2010년 12월 30일 미국 특허 출원 공개 번호 제 US 2010/0331527A1호에서 보통 설명되며, 이것은 그 전문이 본원에 참고로 포함된다. 따라서, 모듈러 캡쳐 분자는 Fc x R 막관통 및 세포질 도메인에 융합된 ScFv* 도메인을 기반으로 하여 설계되고 만들어졌다. ScFv* 도메인

은 고친화도 항-Fc* 항체로부터 유래되었고, 경쇄 가변 도메인에 융합된 중쇄 가변 도메인을 함유한다. Fc y R-TM-세포질 도메인은 원형질막에서 적절한 삽입 및 배향을 가능하게 하는데 사용되었다. ScFv*-Fc y R-TM-cyto 융합 단백질은 야생형 IgG3, 및 IgG4, IgG2, 및 IgG1의 헤테로다이머와 같은 어떤 Fc*-함유 분자에도 결합하는데, 이것은 적어도 하나의 Fc* 폴리펩티드 서열을 함유한다.

[0110] 실시예

[0111]

[0113]

[0114]

다음 실시예는 당업자들에게 본 발명의 방법 및 조성물을 만들고 사용하는 법의 완벽한 개시 및 설명을 제공하기 위해 제안되며, 발명자들이 그들의 발명으로 간주하는 것의 범위를 제한하려는 것은 아니다. 사용된 숫자 (예를 들어, 양, 온도, 등)에 관한 정확성을 보장하기 위한 노력이 이루어졌지만 일부 실험적 오차 및 편차가 설명되어야 한다. 달리 지시되지 않으면, 일부는 중량의 일부이고, 분자량은 평균 분자량이며, 온도는 섭씨 온도이고, 압력은 대기압 또는 그 부근이다.

[0112] 실시예 1

pTE084의 구조. pTE084를 인간 Fc ɣ RI (hFc ɣ RI; GenBank 수납 번호 M21091)를 암호화하는 pCAE100의 1,436 bp Xba I 단편을 pRG821의 Xba I 부위에 결찰하여 구성하였다. 결찰에서 발생한 바람직한 플라스미드에서 hFc ɣ RI 의 방향을 Not I, Pst I, Eco RI, 및 Stu I로 제한효소 맵핑(mapping)함으로써 검사하였다. pTE084를 hFc ɣ RI, 인간 IgG의 Fc 도메인에 대한 고친화도 세포 표면 수용체의 높은 발현 수준을 위해 설계하였다. 그것은 두 개의 독립적인 발현 카세트를 함유한다. 한 카세트는 CMV-MIE 프로모터에 의해 구동되는 hFc ɣ RI 유전자이고, 두 번째 카세트는 네오마이신 포스포트랜스퍼라제 II (npt) 유전자인데, 이것은 G418에 대한 저항성을 부여하고, SV40 후반 프로모터에 의해 구동된다.

hFc v RI를 발현하는 CHO K1 유도체의 구조. CHO K1 세포 (4 x 10°)를 제조사의 제안에 따라 Lipofectamine™ (Life Technologies; Rockville, MD)을 사용하여 pTE084로 트랜스펙션하였다. 세포를 500 μg/ml G418 (Life Technologies)을 함유한 배양 배지 (10% 소 태아 혈청, 90% Ham's F-12, 2 mM L-글루타민; 모든 시약은 Life Technologies, Rockville, MD의 것이다)에 15일 동안 두었다. G418 선택에서 생존한 세포에 트립신을 처리하였 고, 풀링하여, FITC-컨쥬게이션된 인간 IgG, Fc 단편 (FITC-hFc; Jackson ImmunoResearch Laboratories, West Grove, PA)으로 염색하였다. 간략히 말하면, 10 cm 배양 플레이트에서 키운 세포를 염화 칼슘 및 염화 마그네슘 (Life Technologies)이 없는 둘베코 인산염-완충된 식염수 (Dulbecco's phosphate-buffered saline)(PBS)로 한 번 세척하였다. 0.25% 트립신 (Life Technologies) 3 밀리리터를 각 플레이트에 추가하였다. 플레이트를 세포가 플레이트에서 분리될 때까지 휘져었다. 배양 배지 10 밀리리터를 즉시 분리된 세포의 각 플레이트에 추가하였다. 세포를 그때 1,000 x g로 4분 동안 원심분리하여 수거하였다. 상층액의 제거 후, 세포를 배양 배지 에 희석된 2 μg/ml FITC-hFc 4 ml에서 재현탁하였다. 세포를 그때 플랫폼 셰이커(platform shaker)에 두고 실 온에서 1시간 동안 염색하였다. 결합되지 않은 FITC-hFc를 제거하기 위해, 세포를 20 ml PBS로 두 번 세척하였 다. 세포 상의 FITC-hFc 표지의 정도를 MOFLO™ 세포 분별 장치 (Cytomation; Fort Collins, CO)에서 유동 세 포 분석법으로 측정하였다. FITC-hFc는 목(mock)-트랜스펙션된 모체 CHO K1 세포를 염색하지 않았지만 G418-저 항성, pTE084-트랜스펙션된 풀에서 형광 발광의 분포를 발생시켰다. 선택된 풀에서 상위 1%로 가장 형광성인 세 포를 세포 분석법에 의해 1 세포/웰로 96-웰 플레이트에 배치하였다. 9일 후, 96웰 플레이트에서 88개의 세포 클론을 24-웰 플레이트로 확장하였다. 3일 후, 각각의 웰에서 세포를 1 ml PBS로 한 번 세척하였고, 0.5 ml 2 μg/ml FITC-hFc로 1시간 동안 염색하였고, 1 ml PBS로 두 번 세척하였고 형광 현미경 하에서 세포 표면 염색을 검사하였다. 33번째로 가장 형광성인 클론을 선정하여, 확장하였고, 그때 유동 세포 분석법에 의해 스크리닝하 였다.

세포 중에서 발현 세포 및 비-발현 세포 사이에서 분비된 단백질의 확산을 IgG를 추가함으로써 차단하였다: hFc γRI 클론 세포주의 모든 세포들이 세포 표면 hFc γRI를 발현하는 것처럼, 그것들 모두는 IgG 또는 IgG의 Fc 도메인으로 구성된 융합 단백질에 결합하는 능력을 소유한다. hFc γRI가 다양한 종의 IgG에 결합하기 때문에 (van de Winkel and Anderson, 1991), 동물 IgG의 패널을 인간 IgG1 (hIgG1) Fc 태그(tag) (4SC622)를 함유하는 단백질의 hFc γRI-발현 세포로의 결합을 차단하는 능력에 대하여 테스트하였다. 4SC622는 그때 hIgG1-Fc 도메인에 융합된 hIL-2R γ 세포 외 도메인에 융합된 IL-2R γ 세포 외 도메인으로 구성된 키메라 분자이다. 본 실험에서, RGC1, pTE084로 안정하게 트랜스펙션된 CHO K1 세포로부터 선택된 hFc γRI-발현 세포주의 배양물을 37℃ 조직 배양기에서 상이한 종의 1 mg/ml IgG의 존재 또는 부재 시 18시간 동안 1 μg/ml 4SC622와 함께 배양하였다.

4SC622의 세포 표면 결합을 세척된 세포를 FITC-hFc로의 세포 염색에 대하여 개요가 서술된 과정에 따라, 4SC622 (BD Pharmingen; San Diego, CA)의 hIL-2R y 구성요소에 특이적인 피코에리트린-컨쥬게이션된 마우스

[0116]

[0115]

IgG1 단클론성 AG 184 (PE-AG184)로 염색한 후 유동 세포 분석법에 의해 결정하였다.

[0117]

[0118]

[0119]

[0120]

hIgG가 4SC622를 RGC1의 표면 상에 발현된 hFc x R1으로 결합으로부터 완벽하게 차단한다는 것을 발견하였다. 래 트, 토끼 및 개-유래 IgG가 또한 결합을 효과적으로 차단하는 반면에 소 및 양-유래 IgG는 차단하지 않았다. 외 인성으로 추가된 Fc-태그된(tagged) 단백질 (4SC622)의 세포 표면 hFc y RI로의 결합을 차단하는 외인성으로 추 가된 래트 IgG의 능력은 래트 IgG가 또한 다른 수준으로 hIgG1 Fc-태그된 단백질을 발현하는 세포 사이에서 전 달을 차단할 수 있다고 제안한다. 이를 테스트하기 위해서, 녹색 형광 단백질 (EGFP)의 존재 또는 부재로 구별 될 수 있는 두 개의 세포주를 RGC1로부터 발생시켰다. 간략히 말하면, EGFP로 RGC1 세포에 표시하기 위해서, 2 x 10° RGC1 세포를 포스포글리세레이트 키나제 프로모터에 의해 구동된 하이그로마이신 B 포스포트랜스퍼라제를 암호화하는 0.5 mg PTE073, 및 CMV-MIE 프로모터에 의해 구동된 EGFP 유전자를 암호화하는 5 mg pRG816-EGFP로 동시-트랜스펙션하였다. 트랜스펙션된 세포를 200 μg/ml 하이그로마이신 B (Sigma; St. Louis, MO)로 2주 동안 선택하였다. 녹색 형광 세포를 유동 세포 분석법으로 분리하였다. 한 EGFP 및 hFcɣRI-발현 클론, RGC2를 세포 혼합 실험에서 사용하였다. 이 실험들에서 사용된 다른 세포주, RGC4를 RGC1의 플라스미드 pEE14.1-622로의 안 정한 트랜스펙션으로 발생시켰다. pEE14.1-622는 4SC622의 발현이 CMV-MIE 프로모터에 의해 구동되는 플라스미 드이고 글루타민 신테타제 꼬마 유전자를 포함하는데, 이것은 아날로그 메티오닌 술폭시민(analog methionine sulfoximine; MSX)에 대한 저항성을 부여하고, 안정한 통합 이벤트의 선택을 허용한다. RGC4 세포는 세포 표면 상에서 hFc y RI를 발현하고 hIgG1 Fc-태그된 단백질 4SC622를 분비한다. 50% RGC2 및 50% RGC4 세포를 포함하 는 혼합된 세포의 한 플레이트를 PE-AG184로 염색 전에 18시간 동안 1 mg/ml 래트 IgG와 함께 배양하였고 그때 유동 세포 분석법으로 검사하였다. RGC2 세포의 EGFP 형광성은 RGC2 세포가 또한 PE-AG184 형광성의 증가에 의 해 나타난 바와 같이 외인성으로 추가된 4SC622 (1 μg/ml)에 결합한다는 것을 나타낸다. RGC4는 EGFP 게이트에 서 형광 발광하지 않았다. 중요하게는, 외인성으로 추가된 래트 IgG는 세포 표면 4SC622에 대하여 양성으로 염 색된 RGC4 세포의 퍼센트를 감소시키지 않았는데, 4SC622의 hFc y RI로의 결합이 단백질이 세포 표면으로 이동 중인 동안 발생한다고 제안한다. RGC2 및 RGC4 세포가 혼합될 때, 4SC622 단백질은 배지에 축적된 RGC4 세포로 부터 분비되었고 RGC2 세포의 대부분에 결합되었다. 하지만, 1 mg/ml 래트 IgG의 추가는 4SC622에 결합된 RGC2 세포의 퍼센트를 크게 감소시켰는데, 래트 IgG가 발현 세포에서 비-발현 세포로 분비된 hIgG1 Fc-태그된 단백질 의 전달을 차단한다는 것을 입증하였다.

실시예 2: 세포 표면 형광성은 4SC622의 발현 수준과 연관성이 있다

RGC1 세포 (4 x 10°)를 pEE14.1-622로 트랜스펙션하였고 안정한 트랜스펙턴트(transfectant)의 풀을 10% 투석된 소 태아 혈청, 90% 글루타민이 없는 둘베코 변형 이글 배지 (Dulbecco's Modified Eagle's Medium; DMEM), 1 x GS 보충제, 및 25 μM MSX (모든 시약은 JRH Biosciences, Lenexa, KS의 것이다)로 구성된 배지에서 2주 동안 선택 후 얻었다. 래트 IgG를 면역 염색 18시간 전에 1 mg/ml로 배양 배지에 추가하였다. 세포에 트립신을 처리 하였고, PBS로 세척하였고, 실시예 1에서 FITC-hFc에 대하여 설명된 과정에 따라 실온에서 1시간 동안 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F(ab')2 단편 (Jackson ImmunoResearch Laboratories) 1.5 μg/ml로 염 색하였다. 세포 염색을 그때 유동 세포 분석법에 의해 분석하였다. 형광성의 분포는 선택된 풀이 넓은 범위의 4SC622 발현 수준을 갖는 세포를 함유한다고 제안한다. 면역형광법에 관하여 상위 3% (R3 bracket), 7-11% (R5 bracket), 및 15-19% (R7 bracket)의 세포를 세 개의 별개의 풀로 분류하였고 9일 동안 확장시켰다. 풀에 대하 여 세포 당 평균 4SC622 생산을 제조사의 추천에 따라 면역-기반 Pandex 검정 (Idexx; Westbrook, ME)에 의해 3일 성장 후 배지의 세포 수 및 4SC622 수준을 측정함으로써 결정하였다. Pandex 검정에서, 염소 항-인간 IgG, g-사슬 특이적 항체 (Sigma)로 코팅된 플루오리콘(fluoricon) 폴리스티렌 검정 입자를 사용하여 배지로부터 4SC622를 캡쳐하였고, FITC-컨쥬게이션된 염소 항-인간 IgG, Fc 특이적 (Sigma)을 사용하여 비드(bead)-결합된 4SC622를 검출하였다. 알려진 양의 정제된 4SC622를 보정용 검정에 포함시켰다. 상위 3%, 7-11%, 및 15-19% 풀 의 세포가 각각 1.42, 0.36, 및 0.22 pg/세포/일로 4SC622를 생산하는 것을 발견하였다. 따라서, 세포 표면 4SC622 염색과 특이적 단백질 생산 사이에는 연관성이 있었다. 이 결과는 높은 수준으로 4SC622를 발현하는 개 개의 세포가 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F(ab')2 단편에 의해 가장 밝게 염색된 세포를 분 리함으로써 얻어질 수도 있다고 제안한다.

실시예 3: RGC1:IL-4 트랩에서 발현 클론의 분리

[0121] 우리의 방법론에 의해 높은 수준으로 분비된 단백질을 생산하는 클론 세포주를 발생시키는데 있어서의 효율을 직접적으로 입증하기 위해, 클론 4SC622 생산 세포주를 RGC1로부터 발생시켰다. RGC1 세포 (4 x 10⁶)를 pEE14.1-622로 트랜스펙션하였고, 안정한 트랜스펙턴트의 풀을 얻기 위해 25 μM MSX로 2주 동안 선택하였다.

MSX-저항성 세포를 풀링하였고 PE-AG184로 염색 전, 18시간 동안 1 mg/ml 인간 IgG와 함께 배양하였다. 상위 5% 게이트의 6개의 세포들을, 세포 표면 4SC622 염색의 유동 세포 분석법 분석에 의해 결정된 바와 같이, 분리하고 확장하였다. 6개의 클론 세포주로부터 4SC622 생산을 결정하였고 선택된 콜로니를 핸드피킹한 후 이어서 희석 클로닝 및 증폭에 의해 얻어진 클론의 4SC622와 비교하였다. 하나의 RGC1-유래된 클론, RGC4는 4SC622를 12 pg/세포/일로 생산하였다. 이 수준은 2,700 클론을 핸드-피킹하고 분석함으로써 분리된 최고의 4SC622 생산자와 유사하다. 따라서, 핸드-피킹 콜로니와 비교하여, 본 발명에서 개요가 서술된 방법론은 높은 생산자의 스크리닝 및 클로닝에서 훨씬 더 효율적인 것으로 증명된다.

VEGF 트랩. 플라스미드 pTE080 및 pTE081은 VEGF 트랩, hVEGF-R1R2 및 hVEGF-R1R3에 대한 유전자를 암호화한다. hVEGF-R1R2는 hIg1 Fc 도메인에 융합되는 hVEGFR2의 제2 Ig 도메인에 융합된 hVEGFR1의 제1 Ig 도메인으로 구성된 키메라 분자이다. hVEGF-R1R3는 hIgG1-Fc 도메인에 융합되는 hVEGFR3의 제2 Ig 도메인에 융합된 hVEGFI의 제1 Ig 도메인으로 구성된 키메라 분자이다. 이 플라스미드에서, VEGF 트랩에 대한 유전자는 CMV-MIE 프로모터 및 글루타민 신테타제 꼬마 유전자에 의해 구동되는데, 이것은 MSX에 대한 저항성을 부여하고, 안정한 통합 이벤트의 선택을 위해 발현된다. RGC1 세포를 이 플라스미드 중 어떤 것으로 트랜스펙션하였고 플라스미드가 안정하게 통합되는 세포에 대하여 선택하기 위해 2주 동안 25 μM MSX를 함유하는 배지에서 키워졌다. MSX-저항성 세포들을 1.5 μg/ml 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F(ab')2 단편으로 염색 전 18시간 동안 0.1 μg/ml IgG2a 및 마우스 IgG3과 함께 배양하였다. 세포를 1시간 동안 염색하였고 그때 유동 세포분석법 전에 PBS로 두 번 세척하였다. 단일 세포를 형광성이 가장 높은 1% 중에 있는 세포의 풀로부터 96-웰 조직 배양 플레이트로 분류하였다. 개개의 웰의 세포를 확장시켰고 그것들의 생산성을 Pandex 검정으로 결정하였다. hVEGF-R1R2 및 hVEGF-R1R3 둘 다를 발현하는 RGC-유래된 클론은 특이적 생산성이 더 높았고 가장 높게 발현하는, 핸드-피킹된 MSX-저항성 콜로니와 비교하여 더 적은 수의 클론을 스크리닝함으로써 분리하였다. 표 1 참조.

丑 1

[0123]

[0125]

[0126]

[0127]

[0122]

	표 I 특이적 생산성 비교				
단백질	일시적	핸드-피킹된 CHO K1	1	RGC1-유래된	
	(µg/ml)	안정한 세포주		안정한 세포주	
		Sp. Prod.	스크리닝된	Sp. Prod.	스크리닝된
		(pg/세포/일)	클론 #	(pg/세포/일)	클론 #
4SC622	1.1	12	2700	12	6
hVEGF-R1R2	33	68	190	77	62
hVEGF-R1R3	27	5	100	22.6	42

[0124] 실시예4: 세포 표면-결합된 hIgG1 Fc-태그된 단백질은 RGC1에 의해 내재화된다

hFc γ RI는 그것의 세포 표면-결합된 리간드의 내재화를 유발하는 것으로 알려져 있다. RGC1 세포가 세포 표면-결합된 4SC622를 내재화할 수 있는지 분석하기 위해, 1 μg/ml 4SC622를 RGC1 세포에 1시간 동안 추가하였고 그때 세포를 PE-AG184로의 4SC622 면역 염색 및 유동 세포 분석법을 위해 즉시 가공하였다. 세포 중 93 퍼센트가세포 표면 4SC622에 대하여 양성으로 염색되었다. 대안으로, 1 μg/ml 4SC622를 RGC1 세포에 1시간 동안 추가하였고, 그때 세포를 세척하였고 4SC622가 없는 배양 배지에서 PE-AG184와 함께 18시간 동안 배양하였다. 4SC622에 대한 면역염색 후 유동 세포 분석법은 세포 중 9%가 세포 표면 상에서 4SC622를 유지한다는 것을 나타냈다. 표면-결합된 4SC622의 손실을 더 특성화하기 위해서, 정제된 4SC622 단백질을 RGC1 및 모체 CHO K1 세포의 배지에 추가하였고, 그때 배지에서 4SC622의 수준을 시간이 흐름에 따라 측정하였다. 10 cm 플레이트 중 배양 배지에 2 μg/ml으로 추가된 4SC622는 CHO K1 대조군과 비교하여 3일 배양 후 RGC1 조정된 배지에서 훨씬 더낮았다. 이 결과들은 배양 배지에서 4SC622의 농도가 세포 표면 상에서 hFc γRI의 존재에 의해 감소된다는 것을 나타낸다. 결과는 배지에서 4SC622의 고갈이 hFc γRI-4SC622 복합체 내재화의 결과인 것으로 제안한다. 이 수용체-리간드 복합체의 내재화는 18-시간 차단 단계 중에 차단 IgG의 존재 시 비-발현 세포로부터 모든 4SC622의효과적인 제거를 용이하게 할 수도 있다.

실시예 5: 유발성 hFc y RI 발현을 갖는 CHO K1 세포주의 구조

hFc y RI를 이용하는 유동 세포 분석법-기반 자가조직 분비 트랩은 고발현 클론의 신속한 분리를 허용한다. 하지

만, hFc y RI가 Fc-태그된 단백질의 턴오버(turnover)를 매개하는 경우, 그때 발현된 hFc y RI 발현 세포에 의해 분비된 단백질의 인지된 생성물은 hFc y RI가 생산 기간 중에 제한될 수 있는 경우에 더 높다. 이 끝에서, hFc y RI의 발현이 테트라시클린, 또는 유사체 독시시클린에 의해 유발되는 CHO K1 세포주가 구성되었다. 이 시스템에서, CHO K1 세포를 먼저 테트라시클린 억제 단백질 (TetR)을 발현하도록 설계하였고 hFc y RI를 활성이 TetR에의해 조절되는 프로모터의 전사 조절 하에 배치하였다. 두 개의 탠덤(tandem) TetR 오퍼레이터 (TetO)를 pTE158을 생성하기 위해 pTE084에서 CMV-MIE 프로모터/인핸서(enhancer)의 바로 다운스트림에 배치하였다. pTE158에서 CMV-MIE 프로모터로부터 hFc y RI의 전사를 테트라시클린 또는 어떤 다른 적합한 인듀서(inducer)의 부재시 TetR에 의해 차단하였다. 인듀서의 존재 시, TetR 단백질은 TetO에 결합할 수 없었고 hFc y RI의 전사가 발생하였다.

CHO K1 세포를 pcDNA6/TR, TetR의 발현이 CMV-MIE 프로모터 (Invitrogen; Carlsbad, CA)로부터 기원하는 블라티시딘에 대한 저항성을 부여하는 플라스미드로 트랜스펙션 하였다. 2.5 μg/ml 블라스티시딘 (Invitrogen)으로 선택 2주 후, 안정한 트랜스펙턴트를 풀링하였다. 이 풀을 그때 pTE158, hFc γRI의 발현이 CMV-MIE/TetO 하이브리드 프로모터에 의존적인 G418에 대한 저항성을 부여하는 플라스미드로 트랜스펙션하였다. pcDNA6/TR 및 pTE158로 연속으로 트랜스펙션된 세포를400 μg/ml G418 및 2.5 μg/ml 블라스티시딘으로 12일 동안 선택하였고 그때 플링하였다. 풀을 1 μg/ml 독시시클린의 추가에 의해 2일 동안 유발하였고 그때 FITC-hFc로 염색하여 hFc γRI를 발현하는 세포를 확인하였다. hFc γRI를 발현하는 세포의 상위 5%를 풀로서 수거하였고, 독시시클린 없이 6일 동안 확장하였고, hFc γRI의 존재에 대하여 FITC-hFc로 다시 염색하였다. hFc γRI에 대하여 염색하지 않은 세포를 수거하였고 1 μg/ml의 독시시클린을 함유하는 배양 배지에서 3일 동안 확장하였다. 풀을 그때 hFc γRI의 존재에 대하여 염색하였고 유동 세포 분석법에 의해 분리하였다. 가장 높은 수준의 hFc γRI (상위 1%)를 발현한 세포를 웰 당 하나의 세포로 96 웰 플레이트로 분류하였다. 이 세포들은 아마도 낮은 비-유발된 발현 수준의 Fc γRI 및 높은 유발성 수준의 Fc γRi을 가진 세포를 함유할 것이다. 확장 후, 20 클론에서 독시시클린에 의한 hFc γRI의 유발을 FITC-hFc로의 면역염색 및 유동 세포 분석법에 의해 확인하였다. 하나의 클론을 추가의 특성에 대하여 선정하였고 RGC10으로 명명하였다.

독시시클린의 부재 시, RGC10은 hFc y RI의 검출 가능한 수준을 발현하지 않은 반면에, 높은 수준의 hFc y RI가 1 μ g/ml의 독시시클린으로 유발된 세포에서는 3일 동안 관찰되었다. RGC10 세포의 평균 형광성은 독시시클린에 의한 유발 후 1,000배 이상 증가하였다.

실시예 6: RGC10의 4SC622-생산 세포주의 분리

RGC10 세포를 pEE14.1-622로 트랜스펙션하였고, MSX-저항성 세포를 2주 동안 25 mM MSX로 선택 후 풀링하였다. hFc ɣ RI의 발현을 3일 동안 배양 배지에 1 μg/ml의 독시시클린의 추가에 의해 유발하였다. 1 mg/ml 래트 IgG를 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F(ab')2 단편으로 염색 및 유동 세포 분석법에 의한 분석 전 18 시간에 독시시클린을 함유하는 배양 배지에 추가하였다. 가장 높은 수준의 4SC622 (상위 1%)를 발현하는 세포를 웰 당 1 세포로 96 웰 플레이트로 분류하였다. 독시시클린에 의한 hFc ɣ RI 발현을 유발하지 않으면서, 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F(ab')2 단편으로의 염색은 세포 표면 결합된 4SC622를 검출하는데 실패한다. 60 클론을 독시시클린의 부재 시 확장하였다. 가장 높은 생산자 13개의 특이적 생산성을 Pandex 검정으로 결정하였다. 클론 1C2의 특이적 생산성은 17.8 pg/세포/일이며, 조절되지 않은 hFc ɣ RI 세포주 RGC1을 사용하여이전에 분리된 최고의 4SC622 세포주에 대하여 관찰된 12 pg/세포/일보다 훨씬 더 좋다.

실시예 7: Sp2/0 골수종 세포는 세포 표면 캡쳐 단백질을 발현하도록 조작될 수 있다

이 실시예에서, Sp2/0-Ag14 골수종 세포주를 자가 분비 트랩 방법이 CHO 이외의 세포주에 적용 가능하다는 것을 입증하기 위해 hFc y RI를 안정하게 발현하도록 조작하였다. hFc y RI에 대한 유전자를 레트로바이러스 (retrovirus) 감염에 의해 골수종 세포로 도입하였다. 플라스미드 pLXRN (Clontech; Palo Alto, CA), 원하는 유전자가 업스트림 몰로니 쥐 육종 바이러스(Moloney murine sarcoma virus) 긴 말단 반복 (MoMuSV LTR) 프로 모터로부터 발현될 수도 있는 레트로바이러스 DNA 벡터를 사용하여 hFc y RI 유전자를 암호화하는 레트로바이러스를 생성하였다. 인간 Fc y RI 유전자를 암호화하는, pTE084의 1,363 bp Xho I 단편을 pLXRN의 Xho I 부위로 클로닝하였다. hFc y RI cDNA 발현이 MoMuSV LTR에 의존적인 플라스미드를 선택하고 pTE255로 명명하였다.

hFc y RI의 발현을 위한 범친화성(pantropic) 레트로바이러스를 본질적으로 제조사의 가이드라인에 따라 생성하였다. 포장 세포주 GP-293, 바이러스 gag 및 pol 단백질 (Clontech; Palo Alto, CA)을 안정하게 발현하는 HEK 293-기반 세포주를 각각 10 mg의 pVSV-G 및 pTE255로 동시-트랜스펙션하였다. 플라스미드 pVSV-G는 감염성 입자에 광범위한 숙주 범위를 부여하는 바이러스 외피 단백질 VSV-G의 발현을 허용한다.

[0129]

[0131]

[0130]

[0132] [0133]

[0134]

[0135]

Sp2-hFc x RI-4의 구조. 범친화성 hFc x RI 레트로바이러스를 사용하여 세포 당 다양한 약 10 감염성 입자로 1 x 10^7 Sp2/0-Ag14 골수종 세포 (American Type Culture Collection; Manassas, VA)를 감염시켰다. 감염 후 3일에, 세포를 1시간 동안 염색하였고 그때 유동 세포 분석법에 의한 분석 전 PBS로 두 번 세척하였다. hFc x RI를 발현하는 상기 세포를, 결합된 FITC-hFc로 지시된 바와 같이, 유동 세포 분석법에 의해 풀로서 수거하였다. 풀을 13일 동안 확장하였고 그때 FITC-hFc로 다시 염색하였고 hFc x RI를 발현하는 세포를 유동 세포 분석법에 의해 풀로서 수거하였다. 이 분류된 세포들을 4.5 g/l 글루코스 및 4 mM 글루타민이 들어있는 10% 소 태아 혈청 90% 둘베코 변형 이글 배지 (DMEM)에서 3주 동안 배양하였고 FITC-hFc로 염색하였고, 집단 중 상위 1%에서 평균형광성을 가진 세포를 단일 세포 분류에 의해 클로닝하였다. 확장 후, 24개의 클론을 hFc x RI의 발현에 대하여 유동 세포 분석법에 의해 검사하였으며, 상기 설명된 부분과 같고, 하나의 클론, Sp2-hFc x RI-4를 추가의 특성에 대하여 선정하였다.

[0136]

4SC622 단백질을 발현하는 Sp2-hFc γ RI-4 세포의 분리. Sp2-hFc γ RI-4 세포 (1 x 10⁷)를 pTE209, CMV-MIE 프로모터의 4SC622의 구성적 발현을 허용하고, 하이그로마이신에 대한 저항성을 부여하는 플라스미드로 트랜스펙션하였다. 트랜스펙션된 세포를 10% FCS, 90% D-MEM 및 400 μ g/ml 하이그로마이신을 함유하는 배지에 14일 동안두었다. 하이그로마이신-저항성 세포를 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F (ab')2 단편으로 염색전 18시간 동안 1 mg/ml 토끼 IgG와 함께 배양하였다. 세포를 유동 세포 분석법에 의한 분석 전 1시간 동안 염색하였고 그때 PBS로 두 번 세척하였다. 표지된 세포를 상기 설명된 바와 같이 유동 세포 분석법에 의한 풀로서수거하였고 그때 5일 동안 배양하고 분류하였다. 대부분의 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F (ab')2 단편에 결합된 확장된 풀의 세포, 상위 1% 집단을 그때 단일 세포 분류에 의해 클로닝하였다. 10 클론으로부터 4SC622의 생산을 ELISA에 의해 분석하였고 10 클론 모두 4SC622를 발현하는 것으로 발견되었다; 클론 5H11은 일 당 세포 당 0.5 pg으로 4SC622를 생산하였다. 이 데이터들은 4SC622를 분비하는 클론을 Sp2-hFc γ RI-4 세포의 pTE209로의 안정한 트랜스펙션에서 유래된 세포의 외래의 풀로부터 자가 분비 트랩 방법에 의해 효과적으로 분리하였다.

[0137]

4SC622가 4SC622 및 hFc y RI 둘 다를 발현하는 골수종 세포의 표면 상에 자가 디스플레이된다는 것을 확인하기 위해서, 클론 5H11을 18시간 동안 1 mg/ml 토끼 IgG와 함께 배양하였고 그때 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F(ab')2 단편으로 염색하였으며 세포 표면 4SC622를 디스플레이한다는 것을 발견하였다. 분비된 단백질의 교차-섭취(cross-feeding)가 토끼 IgG에 의해 차단되는 조건 하에서 디스플레이하였으며, 4SC622의 자가 디스플레이를 입증한다. 이 데이터는 상기 설명된 자가 분비 트랩 방법이 CHO 세포에 제한되지 않고 골수종 뿐만 아니라 다른 세포 타입으로 연장될 수도 있다는 것을 나타낸다.

[0138]

실시예 8. 단백질 G 키메라 단백질은 세포 표면 캡쳐 단백질로서 기능할 수 있다

[0139]

자가 분비 트랩 방법의 hFc x RI 이외의 세포 표면 캡쳐 단백질에 적용을 입증하기 위해, 단백질 G를 발현하는 세포주를 구성하였다. 스트랩토코쿠스(Streptococcus) 균주 G148의 단백질 G는 모든 인간 및 마우스 IgG 하위분류(subclass)에 결합하고, 이와 같이 항체 또는 IgG Fc 융합 단백질을 발현하는 재조합 세포의 분리에 대한 유용성을 갖는다. 단백질 G IgG Fc 결합 도메인이 모든 인간 및 마우스 IgG 하위분류에 결합할 수 있는 세포 표면 캡쳐 단백질로서 사용될 수 있다는 것을 입증하기 위해, 발명자들은 hFc x RI 막관통 및 세포 내 도메인에 융합된 단백질 G의 Fc 결합 도메인으로 구성된 키메라 단백질을 발현하는 CHO 세포주를 구성하였다. 단백질 G의 Fc 결합 도메인으로 구성된 키메라 단백질을 발현하는 CHO 세포주를 구성하였다. 단백질 G의 Fc 결합 도메인은 세 개의 55 아미노산 길이의 상동성 반복 영역을 함유하고 (Guss et al., (1986) EMBO 5:1567및 Sjobring et al., (1991) J. Biol. Chem. 266:399) 각 반복 영역은 하나의 IgG Fc에 결합할 수 있다. CHO 세포에서 이 키메라 단백질의 발현을 개선하기 위해, 발명자들은 마우스 ROR1 유전자의 신호 서열이 Fc 결합 도메인, 단백질 G의 아미노산 303 내지 497 (수납 번호 X06173) (SEQ ID NO: 1)에 융합되는 합성 DNA를 구성하였다. 이 합성 DNA를 올리고뉴클레오티드 어닐링(annealing), 캡 필링(gap filling), 및 PCR 증폭의 조합에 의해생성하였다. 합성 DNA를 그때 PCR에 의해 막관통 및 세포 내 도메인을 암호화하는 DNA, hFc x RI의 아미노산 279내지 374 (SEQ ID NO:2)를 암호화하는 DNA (수납 번호 M21091)에 융합하였다. 단백질 G/hFc x RI 키메라 단백질을 암호화하는 결과의 DNA를 플라스미드 pTE300을 수득하기 위해 hFc x RI를 암호화하는 유전자를 대체한다. MIE 프로모터의 다운스트림에서 pTE158에 클로닝하였으며, hFc x RI를 암호화하는 유전자를 대체한다.

[0140]

혈청이 없는 배지에서 자라도록 조정된 CHO K1 세포주, RGC14를 pTE300으로 트랜스펙션하였고 3일 후 400 μ g/ml G418을 pTE300의 안정한 통합을 위한 선택을 하기 위해 배양 배지에 추가하였다. 선택 시작 후 2주에, 세포를 FITC-hFc로 염색하여 hFc χ RI를 발현하는 세포를 확인하였다. 이 세포를 유동 세포 분석법에 의해 분석하였고 hFc χ RI를 발현하는 세포를 풀로서 수거하였다. 세포를 10일 동안 확장하였고 hFc χ RI를 발현하는 세포의

집단을 다시 유동 세포 분석법에 의해 분리하였다. 세포를 다시 확장하였고, FITC-hFc로 염색하였고, 높은 수준의 단백질 G/hFc ɣ RI 키메라 단백질을 발현하는 단일 세포를 유동 세포 분석법에 의해 분리하였다. FITC-hFc 결합에 양성으로 염색된 단일 세포를 10% 소 태아 혈청, 90% Ham's F12, 및 400 μg/ml G418로 구성된 배지로 분류하였다. 2주 배양 후, 48 클론을 FITC-컨쥬게이션된 항-소 IgG F(ab')2 단편 (Jackson ImmunoResearch Laboratories, West Grove, PA)로 염색함으로써 배양 배지에 존재하는 소 IgG로의 결합에 대하여 검사하였다.한 클론, 이 항체로 양성으로 염색되는 RGC18을 추가의 특성에 대하여 선택하였다.

RGC18에서 발현 클론의 분리: RGC18 세포 (6 x10°)를 pTE209로 트랜스펙션하였고 18일 동안 400 μg/ml 하이그로마이신에서 성장에 의해 플라스미드의 통합을 위한 선택을 하였다. 하이그로마이신-저항성 세포를 다클론성 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F (ab')2 단편으로 염색 전 18시간 동안 1 mg/ml 토끼 IgG와 함께 배양하였다. 세포를 유동 세포 분석법에 의한 분석 전에 1시간 동안 염색하였고 그때 PBS로 두 번 세척하였다. 가장형광성인 세포 (상위 5%)를 단일 세포 분류에 의해 분리하였고 3주 동안 확장하였다. 10 클론을 4SC622 분비에 대하여 검사하였다. 테스트된 모든 클론은 4SC622를 높은 수준으로 분비하였고, 최고의 클론, RGC19는 6.4 pg/세포/일의 특이적 생산성을 가졌다. 이 결과는 4SC622-발현 세포가 자가 분비 트랩 방법에 의해 RGC18의 pTE209로의 안정한 트랜스펙션으로부터 유래된 세포의 외래의 풀로부터 효과적으로 분리된다는 것을 입증하였다. 게다가, 이 데이터는 단백질 G의 단편이 신호 서열 및 막관통 도메인을 포함하도록 설계되고 세포 표면 캡쳐 단백질로서 기능한다는 것을 분명하게 입증하였다.

4SC622가 단백질 G/hFc ɣRI 키메라 단백질 및 4SC622 둘 다를 발현하는 RGC19 세포의 표면 상에 자가 디스플레이된다는 것을 확인하기 위해, RGC19를 18시간 동안 1 mg/ml 토끼 IgG와 함께 배양하였고 그때 FITC-컨쥬게이션된 항-인간 IgG (H+L) F(ab')2 단편으로 염색하고 유동 세포 분석법에 의해 분석하였다. RGC19 세포는 교차-섭취가 토끼 IgG에 의해 차단되는 이 조건 하에서 세포 표면 4SC622를 소유한다는 것이 발견되었으며, 4SC622의자가 디스플레이를 제안한다. 토끼 IgG는 외인성 4SC622 단백질의 RGC18 세포로의 결합을 효과적으로 차단하지만, 4SC622를 발현하는 세포의 세포 표면 상에서 4SC622의 디스플레이를 차단하지 않았다. 이 데이터는 단백질 G/hFc ɣRI 키메라 단백질의 속성이 세포 표면 캡쳐 단백질로서 hFc ɣRI와 유사하다는 것을 입증하였고, 자가 분비 트랩 방법이 세포 표면 캡쳐 단백질로서 다른 단백질을 이용할 수 있다는 것을 제안하였다.

실시예9: RGC10으로부터 항체-생산 세포의 분리

재조합 항체를 발현하는 CHO 세포주의 분리를 위한 자가 분비 트랩 방법의 활용성을 입증하기 위해 발명자들은 KD5 히브리도마의 가변 경쇄 및 가변 중쇄 유전자를 암호화하는 DNA를 클로닝하였다. KD5는 인간 Tie-2 수용체에 특이적인 단클론성 항체를 발현하는 히브리도마이다.

마우스 IgG 불변 도메인 유전자 서열을 500ng 마우스 비장 폴리A+ RNA (Clontech, Palo Alto, CA)로부터 클로 닝하였다. 단일 가닥 cDNA를 RT-PCR용 Superscript First-Strand Synthesis System을 사용하여 합성하였고, 50ng 무작위 헥사머 (Invitrogen Life Technologies, Carlsbad, CA)로 프라이밍하였다(primed). 마우스 카파 경쇄 불변 DNA 서열 (수납 번호 Z37499)을 프라이머 5' mCLK1 (Z37499) (5'-CGGGCTGATG CTGCACCAAC TGTATCCATC TTC-3') (SEQ ID NO:3) 및 3' mCLK1 (Z37499) (5'-ACACTCTCCC CTGTTGAAGC TCTTGACAAT GGG-3') (SEQ ID NO:4)를 사용하는 PCR에 의해 이 cDNA로부터 증폭하였다. 마우스 IgG2불변 도메인 DNA 서열 (수납 번호 AJ294738)을 또한 프라이머 5' mCH2a(AJ294738) (5'-GCCAAAACAA CAGCCCCATC GGTCTATCCA C-3') (SEQ ID NO:5) 및 3' mCH2a(AJ294738) (5'-TCATTTACCC GGAGTCCGGG AGAAGCTCTT AGTCG-3') (SEQ ID NO:6)를 사용하는 PCR에 의해 이 cDNA로부터 증폭하였다. PCR 생성물을 TOPO TA Cloning 키트 (Invitrogen Life Technologies, Carlsbad, CA)를 사용하여 pCR2.1-TOPO로 클로닝하였고 불변 도메인의 서열을 확인하였다.

KD5 가변 영역 유전자를 KD5 히브리도마 mRNA로부터 RT-PCR에 의해 증폭하였고 Amersham-Pharmacia Biotech (Piscataway, NJ)의 중쇄 및 경쇄 가변 영역 프라이머 혼합물을 사용하여 pCR2.1-TOPO로 클로닝하였다. 가변 중쇄 유전자를 프라이머 5' BspMI/KD5VH N-말단 (5'-GAGAGTACCT GCGTCATGCA GATGTGAAAC TGCAGGAGTC TGGCCCT-3') (SEQ ID NO:7) 및 3' BspM I/KD5VH C-말단 (5'-GAGAGACCTG CGTCAGCTGA GGAGACGGTG ACCGTGGT-3') (SEQ ID NO:8)과 함께 주형으로서 pCR2.1-TOPO 클로닝된 가변 영역을 사용하여 PCR 증폭하였으며, BspMI로 분해하였고 프라이머 5' BsaI/CH2a N-말단 (5'-GAGAGGGTCT CACAGCCAAA ACAACAGCCC CATCG-3') (SEQ ID NO:9) 및 3' BsaI/CH2a C-말단 (5'-GAGAGGGTCT CCGGCCGCTC ATTTACCCGG AGTCCGGG AGAA-3') (SEQ ID NO: 10)으로 증폭된, BsaI-분해된 IgG2a 불변 중쇄 유전자 PCR 단편에 결찰하였다. 이 단편을 그때 pRG882의 BspMI 및 NotI 부위로 결찰하였다. 결과로 얻은 플라스미드, pTE317을 mROR1 신호 서열에 융합된, CMV-MIE 프로모터의 KD5 재조합 중쇄 유전자를 발현할 수 있었다. 가변 경쇄 유전자를 프라이머 5' BsmBI/KD5VL N-말단 (5'-GAGAGCGTCT CATGCAGACA

[0142]

[0143] [0144]

[0145]

[0146]

TCCAGATGAC CCAGTCTCCA-3') (SEQ ID NO:11) 및 3' BsmBI/KD5VL C-말단 (5'-GAGAGCGTCT CACAGCCCGT TTTATTTCCA GCTTGGTCCC-3') (SEQ ID NO:12)과 함께 주형으로서 pCR2.1-TOPO 클로닝된 가변 영역을 사용하여 PCR 증폭하였 고, BsmBI로 분해하였고 프라이머 5' BsaI/CLK N-말단 (5'-GAGAGGGTCT CAGCTGATGC TGCACCAACT GTATCC-3') (SEQ ID NO:13) 및 3' BsaI/CLK C-말단 (5'-GAGAGGGTCT CAGGCCGCTC AACACTCTCC CCTGTTGAAG CTCTTGAC-3') (SEQ ID NO:14)으로 증폭된 BsaI-분해된 카파 불변 경쇄 유전자 PCR 단편에 결찰하였다. 이 단편을 그때 pRG882의 BspMI 및 NotI 부위에 결찰하였다. 결과의 플라스미드, pTE316은 mROR1 신호 서열에 융합된, CMV-MIE 프로모터의 KD5 재조합 경쇄 유전자를 발현할 수 있다.

KD5 중쇄 유전자를 암호화하는, pTE317의 1450 bp EcoRI-NotI 단편을 pRG980, 하이그로마이신에 대한 저항성을 부여하고 UbC 프로모터에 대한 재조합 유전자의 발현이 플라스미드 pTE322를 수득하게 하는 벡터의 EcoRI 및 Not I 부위에 클로닝하였다. 유사하게, KD5 경쇄 유전자를 암호화하는, pTE316의 750 bp EcoRI-Not I 단편을 pRG985, 퓨로마이신에 대한 저항성을 부여하고 UbC 프로모터에 대한 재조합 유전자의 발현이 플라스미드 pTE324 를 수득하게 하는 벡터의 EcoRI 및 NotI 부위에 클로닝하였다. RGC10 세포 (5 x 10°)를 3 μg pTE322 및 3 μg pTE322로 트랜스펙션하였고 20 μg 퓨로마이신 및 400 μg/ml 하이그로마이신과 함께 10% 태아 소 혈청이 보충 된 F12 배지에서 14일 동안 성장에 의한 플라스미드의 통합을 위해 선택하였다. hFc γRI의 발현을 3일 동안 1 μg/ml 독시시클린의 배양 배지에 추가에 의해 유발하였다. 이중-저항성 세포를 염소 다클론성 FITC-컨쥬게이션 된 항-마우스 IgG (Fey) F (ab')2 단편 (Jackson ImmunoResearch Laboratories, West Grove, PA)으로 염색 전 18시간 동안 1 mg/ml 토끼 IgG와 함께 배양하였다. 세포를 유동 세포 분석법에 의한 분석 전 1시간 동안 염색하 였고 그때 PBS로 두 번 세척하였다. 가장 형광성인 세포 (상위 5%)를 풀로서 분리하였고 10일 동안 확장하였으 며, 그 후 프로토콜을 반복하였지만 상위 1% 가장 형광성인 세포들을 풀로서 분리하였다. 이 풀을 10일 동안 확 장하였고 그때 상위 0.1% 가장 형광성인 세포를 96-웰 플레이트에 단일 세포로서 분리하였다. 클론을 항체의 발 현에 대하여 ELISA에 의해 분석하였고 7개의 클론을 분석된 53 클론으로부터 선정하였다. 이 클론들의 평균 특 이적 생산성은 35 pg/세포/일이었고 최고의 클론은 54 pg/세포/일로 재조합 KD5 단클론성 항체를 발현하였다.

실시예10: FASTR™은 CSCP 발현 수준에 의해 영향을 받지 않고 스크리닝한다

CSCP의 발현 수준이 관련된 sPOI를 발현하는 세포를 분리하는 능력에 크게 영향을 미치지 않는다는 것을 입증하 기 위해, FASTR™은 각각 같은 CSCP를 발현하지만 높은 수준 또는 낮은 수준에서 비교된 두 개의 다른 숙주 세 포주에서 같은 sPOI에 대하여 스크리닝한다.

FASTR™ 숙주 세포주 RGC10를 pTE158의 안정한 통합에 의한 hFc v RI 단백질의 높은 수준 발현에 대하여 선택하 였고 40 hFc v RI 통합된 유전자 콜로니를 함유하는 것을 발견하였다. 낮은 수준으로 hFc v RI 단백질을 발현하는 새로운 세포주, RS527을 안정한 트랜스펙션 및 단일 카피 유전자 통합에 대한 선택 후, CHO K1으로부터 생성하 였다. RS527 세포가 FASTR™ 세포주의 전체 세포 용해물의 웨스턴 블롯 분석에 의해 결정된 바와 같이 RGC10 세 포보다 훨씬 더 적은 hFc v RI 단백질을 발현하였다.

간략히 말하면, RGC10 및 RS527 세포를 pTE462, 분비된 hFc-융합 단백질 Rc1-hFc를 발현하고 하이그로마이신에 대한 저항성을 부여할 수 있는 플라스미드로 트랜스펙션하였다. 트랜스펙션된 배양물을 2주 동안 하이그로마이 신으로 선택하였다. 하이그로마이신-저항성 세포를 본원에서 설명된 FASTR™ 방법에 따라, 1 μg/ml 독시시클린 (Dox)으로 유발하였고 하룻밤 동안 토끼 IgG로 차단하였다. 다음 날 RGC10/pTE462 및 RS527/pTE462 배양물을 hFc에 특이적인 FITC-컨쥬게이션된 항체에 의해 염색하였고 그때 유동 세포 분석법에 의해 분석하였다. 각각 낮 은, 중간, 및 높은 형광성을 갖는 세포를 표시하는 세 개의 세포 빈(bin) R4, R5, 및 R6을 각 숙주 세포주로부 터 분류하였고 조직 배양에서 확장하였다.

Rc1-hFc 단백질 생산 수준을 여섯 개의 세포 빈과 비교하기 위해, 여섯 개의 배양물을 각 빈에 대하여 같은 수 의 세포를 사용하여 설정하였다. 3일 후, 조정된 배지를 수거하였다. 조정된 배지에서 Rc1-hFc 단백질 역가를 ELISA에 의해 결정하였고 각각의 세포 빈의 평균 형광성에 대하여 플롯팅하였다(plotted). RGC10 및 RS527 숙주 세포주 둘 다에 대하여, 평균 형광성 (세포 표면 상에 디스플레이된 Rc1-hFc의 양) 및 분리된 세포 풀의 sPOI 단백질 생산 수준 사이에서 유사한 연관성이 있었다. 더 중요하게는, RGC10 및 RS527으로부터 유래된 두 개의 고형광성 R6 빈에서 sPOI 역가는 유사했다. 이 데이터는 FASTR™ 숙주 세포주에서 CSCP의 발현 수준이 상기 숙 주의 사용이 sPOI의 발현 수준에 기초하여 트랜스펙션된 세포를 분리하는데 크게 영향을 미치지 않았다는 것을

실시예11: 세포 표면 캡쳐 단백질로서 Tie2 수용체

[0153]

[0147]

[0148]

[0149]

[0150]

[0151]

[0152]

[0154]

Fc y R1 이외의 세포 표면 캡쳐 단백질 (CSCP)이 본 발명에서 설명된 방법에서 사용될 수 있다. 본 실시예에서, Tie2 수용체는 CSCP로서 기능을 하며 Tie2 수용체의 세포 외 도메인에 특이적으로 결합하는 Clb 단클론성 항체로부터 만들어진 Tie-특이적 ScFv_{Clb}-Fc 융합 단백질을 발현하는 세포를 분리하는데 사용된다. ScFv_{Clb}-Fc에 대한 CSCP가 hFcgRI일 수 있지만, 본 실시예는 Tie2가 ScFv_{Clb}-Fc에 대한 CSCP로서 사용될 수 있다는 것을 입증한다.

[0155]

유발성 Tie2 CSCP 세포주를 구성하기 위해, CHO K1을 먼저 TetR 플라스미드 pcDNA6/TR로 안정하게 트랜스펙션하였다. 블라스티시딘-저항성 세포 풀을 그때 pTE259, Tie2의 세포 외 도메인 및 막관통 도메인으로 구성된 단백질의 유발성 발현을 허용하는 플라스미드로 안정하게 트랜스펙션하였다. 유발성 세포 클론을 Tie2에 특이적인항체로 염색 후 유동 세포 분석법에 의해 분리하였다. RGC54 클론을 ScFv_{Clb}-Fc의 발현에 대한 FASTR™의 실행가능성을 연구하기 위해 선정하였다.

[0156]

RGC54 세포를 분비된 hFc-융합 단백질 ScFv_{Clb}-Fc를 발현하고 하이그로마이신에 대한 저항성을 부여할 수 있는 플라스미드로 안정하게 트랜스펙션하였다. 트랜스펙션된 배양물을 2주 동안 하이그로마이신으로 선택하였다. 하이그로마이신-저항성 세포를 Dox로 유발하였고 정제된 Clb mAb 1 mg/ml로 차단하였다. Clb 단클론성 항체는 ScFv_{Clb}-Fc에서 가변 영역의 공급원이었다. 다음 날, 세포 풀을 hFc에 특이적인 FITC-컨쥬게이션된 항체에 의해 염색하였고 그때 유동 세포 분석법에 의해 분석하였다. 각각 높은, 중간, 및 낮은 형광성을 갖는 세포를 표시하는 세 개의 세포 빈 R6, R7, 및 R8을 분류하였고 조직 배양에서 확장하였다. 세 개의 배양물을 ELISA에 의해 결정된 바와 같이 ScFv_{Clb}-Fc 단백질 생산을 결정하기 위해 각각의 빈에 대하여 같은 수의 세포를 사용하여 설정하였다. 분리된 세포 풀의 평균 형광성 (세포 표면 상에서 Tie2로의 ScFv_{Clb}-Fc 결합의 양) 및 ScFvClb-Fc 단백질 생산 수준 사이에 연관성이 있었다.

[0157]

이 데이터는 hFc y RI 이외의 CSCP가 CSCP로서 역할을 할 수 있다는 것을 나타내고, 또한 어떤 수용체도 그것의 세포질 도메인의 제거에 의해 CSCP로 전환될 수 있다고 제안한다. 이 데이터는 또한 항원이 CSCP로 만들어지고 항원-특이적 항체-관련 분자를 발현하는 세포를 스크리닝하는 FASTR™에 사용될 수 있다는 것을 입증한다.

[0158]

실시예 12: 효과적인 FASTR™은 낮은 친화도를 갖는 CSCP:sPOI 쌍으로 스크리닝한다

[0159]

안지오포이에틴-1은 Tie2 수용체에 대한 리간드이다. 안지오포이에틴-1 수용체 결합 도메인 및 hFc를 포함하는 키메라 단백질 (FD1-hFc)은 BIAcore™에 의해 결정된 바와 같이 174 nM의 친화도 상수로 Tie2에 결합한다. FD1-hFc 및 Tie2를 CSCP 및 sP0I 사이의 최소 친화도가 FASTR™ 스크리닝에 필요한지를 결정하기 위해 각각 sP0I 및 CSCP로서 선정하였다.

[0160]

세포 도포 실험에서, 외인성으로 추가된 FD1-hFc는 Tie2를 통해 RGC54 세포에 특이적으로 결합하였다. Tie2 및 FD1-hFc 사이의 친화도가 FASTR™ 스크리닝을 허용하는데 충분한지 결정하기 위해, RGC54 세포를 pTE942, 분비된 hFc-융합 단백질 FD1-hFc를 발현하고 하이그로마이신에 대한 저항성을 부여할 수 있는 플라스미드로 안정하게 트랜스펙션하였다. 트랜스펙션된 배양물을 2주 동안 하이그로마이신으로 선택하였다. 하이그로마이신-저항성세포를 Dox로 유발하였고 마우스 IgG1 Fc를 포함하는 정제된 FD1-mFc 1 mg/ml로 차단하였다. 그 다음 날, 세포풀을 hFc에 특이적인 FITC-컨쥬게이션된 항체로 염색하였고 그때 유동 세포 분석법에 의해 분석하였다. 각각 높은, 중간, 및 낮은 형광성을 표시하는 세 개의 세포 빈 R6, R7, 및 R8을 수거하였다. 배양물을 ELISA에 의해 결정된 바와 같이 조정된 배지에서 FD1-hFc 단백질 생산 수준을 결정하기 위해 각각의 빈에 대하여 같은 수의 세포를 사용하여 설정하였다. 분리된 세포 풀의 평균 형광성 (세포 표면-결합된 Tie2에 결합하는 FD1-Fc) 및 FD1-hFc 단백질 생산 수준 사이에 연관성이 있었다. 가장 높은 형광성을 가진 빈은 가장 많은 FD1-hFc를 생산하였다.

[0161]

이 데이터는 저친화도 (174 nM KD)의 CSCP:sPOI 짝이 효과적인 FASTRTM 스크리닝에 사용될 수 있다는 것을 입증한다. 중요하게, FD1-Fc: Tie2 결합에 대한 해리 $t_{1/2}$ 는 2분 미만이며, 측정 가능한 친화도를 가진 어떤 CSCP:sPOI 짝도 FASTRTM 스크리닝에서 작용할 수 있다고 제안한다. 게다가, 본 실험은 또한 비-Fc χ RI 수용체가 또한 리간드를 발현하는 세포를 분리하기 위해 CSCP로서 사용될 수도 있다는 것을 나타낸다.

[0162]

실험 13: 막관통 도메인의 ScFv로의 융합이 기능적 CSCP를 만든다

[0163]

CSCP는 sPOI에 대하여 측정 가능한 친화도를 갖는 어떤 세포 표면-결합된 단백질도 될 수 있다. 이것을 입증하기 위해, 전체적으로 합성의 CSCP를 PDGF 수용체의 막관통 도메인을 쥐 카파 사슬-특이적 단클론성 항체 HB58의

가변 영역을 함유하는 ScFv에 융합함으로써 구성하였다. FASTR™ 숙주를 이 키메라 단백질 (ScFv_{HBS8}-TM_{PDGFR})을 발현하도록 구성하였고 안지오포이에틴-2 FD 도메인-특이적 P12 항체를 발현하는 세포를 분리하는데 사용하였다.

- [0164] CHO K1으로부터 유래된 RS655 세포주는 구성적으로 ScFv_{HB58}-TM_{PDGFR}을 발현한다. ScFv_{HB58}-TM_{PDGFR}을 발현하는 세포를 P12 mAb, FD2-hFc로 순차적인 배양에 의해 염색할 수 있고, HB58 ScFv에 의해 세포 표면 상에 캡쳐된 FITC-컨쥬게이션된 항-hIgG-P12를 FD2에 대한 친화도에 의해 검출하였으며, 이것은 hFc 태그의 인식에 의해 차례로 검출되었다. RS656 세포는 eYFP에 대한 유전자를 암호화하는 플라스미드로 안정한 트랜스펙션 후 RS655 세포로 부터 유래되었다. 거의 100%의 RS656 세포는 eYFP-양성이었고, 대부분 (76%)은 FD2-hFc에 결합함으로써 검출된 바와 같이 ScFv_{HB58}-TM_{PDGFR}의 발현을 유지하였다.
- [0165] RS655 세포를 pTE693, P12 항체의 중쇄 및 경쇄를 발현하고, 퓨로마이신에 대한 저항성을 부여할 수 있는 플라스미드로 안정하게 트랜스펙션하였다. 트랜스펙션된 배양물을 P12 mAb 발현에 관하여 외래의 것인 세포의 풀 (RS655/pTE693)을 수득하기 위해 2주 동안 퓨로마이신으로 선택하였다.
- [0166] ScFv_{HB58}-TM_{PDGFR}이 CSCP로서 기능하고 비-생산자로부터 항체-생산 세포의 분리를 용이하게 할 수 있는지 결정하기 위해, 같은 수의 RS656 세포 및 RS655/pTE693 세포를 혼합하여 동시-배양하였다. RS655/pTE693 세포로부터 발현 된 P12가 확산되고 RS656 세포의 표면 상의 ScFv_{HB58}에 결합하는 것이 허용될 때, 많은 황색 세포들은 또한 FD2-hFc에 결합에 대하여 양성이었다. 하지만, RS656의 표면 상의 ScFv_{HB58}은 과도한 쥐 IgG에 결합하였고, 그때 비-황색 세포만이 FD2-hFc에 결합에 대하여 양성이었으며, 발현 세포는 비-발현 세포로부터 효과적으로 분리된다는 것을 입증한다.
- [0167] 이 데이터는 ScFv가 기능적 CSCP를 세포막으로 표적화함으로써 그것으로 만들어질 수 있다는 것을 입증한다. 데이터는 또한 FASTRTM이 분비된 항체를 발현하는 세포가 항체의 항원으로 검출되게 한다는 것을 나타낸다.

실시예 14: T 세포 수용체 가변 영역을 포함하는 원하는 단백질

[0168]

[0169]

[0171]

- TCR-Fc인 원하는 단백질을 발현하는 세포주의 고발현 클론을 분리하기 위한 유동 세포 분석법-기반 자가 분비 트랩 (FASTR™) 방법은 원하는 항체를 발현하는 세포주의 제조와 유사한 방식으로 제조한다. 고발현 클론을 hFc γR에 결합된 원하는 TCR-Fc를 표면 상에서 디스플레이하는 세포를 스크리닝함으로써 확인하였다.
- [0170] 본 실시예에서, 세포 표면 캡쳐 분자로서 유발성 Fc y R1을 포함하는, CHO K1 세포주 RGC10을 이용한다. RGC10는 TCR 가변 영역을, 인 프레임(in frame), 인간 Fc 영역에, 또는 TCR 가변 영역 및 인간 Fc 영역 사이에서 직접적으로, 인 프레임 또는 결합자 서열로 클로닝함으로써 재조합 TCR-Fc를 발현하도록 만들어진다.
 - Fc-결합된 TCR α 가변 도메인 및 Fc-결합된 TCR β 가변 도메인을 포함하는 다이머인 원하는 단백질을 만들기 위해, RGC10은 두 개의 벡터, 인간 Fc 서열과 함께 TCR α 가변 도메인 융합 단백질을 발현할 수 있는 제1 벡터, 및 같은 인간 Fc 서열과 함께 TCR β 도메인 융합 단백질을 발현할 수 있는 제2 벡터로 트랜스펙션된다. 각 벡터는 TCR 가변 영역에 관하여 5'에 선도 서열 (예를 들어, 분비 신호 서열), 및 약물 저항 유전자인 선택가능한 마커를 포함한다. 각각의 벡터 트랜스펙션 후, 벡터를 함유하는 세포를 적절한 약물 선택에 의해 선택하였다. 선택은 제1 및 제2 벡터 둘 다를 가진 RGC10 세포주를 초래한다. 원하는 단백질을 발현하는 세포를 β 가변 도메인에 대한 항체, 가변 도메인에 대한 항체, 및 Fc 도메인에 대한 항체 중 하나 이상에 의해 검출할 수있다.
- [0172] Fc에 융합된 α 및 β TCR 가변 도메인 둘 다를 포함하는 다이머인 원하는 단백질을 만들기 위해, RGC10을 다음 과 같이 구성된 원하는 단백질을 암호화하는 단일 벡터로 트랜스펙션한다: 선도 서열 (예를 들어, 분비 신호 서열), 이어서 결합자에 융합된 TCR 가변 β 도메인, 여기에서 결합자는, 차례로, TCR 가변 도메인에 융합되며, 이것은 차례로 Fc 서열에 융합된다. 대안으로, 단일 벡터는 다음과 같이 구성될 수 있다: 선도 서열 (예를 들어, 분비 신호 서열), 이어서 결합자에 융합된 TCR 가변 α 도메인, 여기에서 결합자는, 차례로, TCR 가변 β 도메인에 융합되며, 이것은 차례로 Fc 서열에 융합된다. 원하는 단백질을 발현하는 세포는 β 가변 도메인에 대한 항체, α 가변 도메인에 대한 항체, 및 Fc 도메인에 대한 항체 중 하나 이상에 의해 검출될 수 있다.
- [0173] 상기와 같이, TCR α 및/또는 TCR β 불변 도메인을 또한 포함하는 원하는 단백질을 만들기 위해, TCR 가변 도메인 (α 또는 β)은 TCR 불변 도메인에 융합되고 (예를 들어, TCR 가변 도메인 α는 TCR 불변 도메인 α에 융합되고, TCR 가변 도메인 β는 TCR 불변 도메인 β에 융합된다), TCR 가변 + 불변 도메인은 Fc 도메인에 직접적

으로 또는 결합자를 통해 융합된다. 원하는 단백질을 발현하는 세포는 β 가변 도메인에 대한 항체, α 가변 도메인에 대한 항체, 및 β 도메인에 대한 항체 중 하나 이상에 의해 검출될 수 있다.

[0174] 원하는 양의 TCR-Fc를 발현하는 세포를 α 가변 도메인에 대한 항체, β 가변 도메인에 대한 항체, α 불변 도메인에 대한 항체, 및 β 불변 도메인에 대한 항체, 및 Fc 도메인에 대한 항체 중 하나 이상을 사용하는, 본원에서 설명된 4SC622-생산 세포주를 분리하는데 사용된 바와 같은 과정을 사용하여 분리한다. 가장 높은 수준의 TCR-Fc를 발현하는 세포를 TCR-Fc-생산 세포주로서 선택한다.

실시예 15: 다수의 IgG 이소타입 및 이중 특이적 항체의 분리를 위한 ScFv-기반 CSCP

게놈의 면역글로불린 중쇄 VDJ 영역 및 면역글로불린 카파 사슬 VJ 영역이 인간 오쏠로그(ortholog)로 대체된, 유전적으로 변형된 마우스 (즉, Velocimmune® 마우스; 미국 특허 번호 제7,105,348호, 이것은 전문이 본원에 참고로 포함됨)를 인간 IgG4 단백질의 Fc 단편 (hFc, 또는 간단하게 Fc; SEQ ID NO: 26), 또는 디펩티드 돌연변이를 함유하는 인간 ΔAdpFc 폴리펩티드 (IMGT에 의해 H95R, Y96F; Fc*로도 알려져 있음; SEQ ID NO: 42)로 면역화하였다. 단클론성 항체를 마우스로부터 얻었고 Fc, Fc*, 또는 Fc 및/또는 Fc*을 포함하는 항체에 결합하는 능력에 대하여 스크리닝하였다. Fc에 결합할 수 있는 세 개의 항체 (Ab1, Ab2, Ab3) 및 Fc*에 결합할 수 있는 세 개의 항체 (Ab4, Ab5, Ab6)를 다음 포맷 중 하나를 갖는 분자에 결합하는 능력에 대하여 테스트하였다: Fc/Fc, Fc/Fc* (이중 특이적 항체일 수도 있음), 및 Fc*/Fc*.

결합 친화도 및 동역학 상수를 결정하기 위한 측정이 Biacore 2000 기구에서 이루어졌다. 항체 (Ab1-Ab8 각각)를 항-마우스-Fc 센서 표면 (Mab 캡쳐 포맷)에 캡쳐하였고, 인간 Fc (SEQ ID NO:26) 호모다이머, 인간 Fc* 호모다이머 (SEQ ID NO:42), 또는 Fc/Fc* 헤테로다이머를 표면 위에 주사하였다. 동역학적 결합 (ka) 및 해리 (kd) 속도 상수를 데이터를 가공하고 그것을 Scrubber 2.0 곡선 맞춤 소프트웨어를 사용하여 1:1 결합 모델에 맞춤으로써 결정하였다. 결합 해리 평형 상수 (Kb) 및해리 반감기 (t1/2)를 다음과 같은 동역학적 속도 상수로부터 계산하였다: Kb (M) = kd / ka; 및 t1/2 (분) = (In2/(60*kd). 표 2에서 나타난 바와 같이 항체는 3개의 별개의 범주 중에 있다: Fc 특이적, Fc* 특이적, 및 Fc 와 Fc* 사이의 차별을 나타내지 않는 것들 (비-특이적). Fc 특이적 항체는 아미노산 His 95 및/또는 Tyr 96에 의존적이었는데, 이 항체가 디펩티드 돌연변이 (H95R, Y96F)를 가진 인간 Fc*에 결합하지 않기 때문이다 (H95R, Y96F). 반대로, Fc* 특이적 항체는 Arg 95 및/또는 Phe 96에 의존적인데, 이 항체가 야생형 인간 Fc에 결합하지 않기 때문이다.

실시예 16: Ab2 및 Ab2-유래된 ScFv-Fc y R 융합 단백질을 생산하는 세포주

Fc-특이적 Ab2의 중쇄 및 경쇄를 시퀀싱하였다 (sequenced). 재조합 Ab2 항체를 제조하기 위해, 중쇄를 암호화하는 발현 벡터 플라스미드를 구성하였고, 경쇄를 암호화하는 발현 벡터 플라스미드를 구성하였다. 두 벡터는 모두 CHO 세포에서 각각의 서브유닛의 발현 및 분비를 가능하게 한다. 항체를 발현하기 위해, 두 플라스미드 모두를 CHO-K1 세포로 트랜스펙션하였고 안정한 형질전환체을 분리하였다. 항체 사슬의 발현은 구성적 CMV 프로모터에 의해 구동되었다.

표 2 항체의 친화도-표면 플라스몬 공명 연구

항체	POI-표적	ka (M s)	kd (s ⁻¹)	K _D (M)	t½ (분)	특이성
Ab1	Fc/Fc	1.07E+05	3.79E-04	3.54E-09	30	Fc
	Fc/Fc*	8.16E+04	3.01E-04	3.69E-09	38	
	Fc*/Fc*	NB	NB	NB	NB	
Ab2	Fc/Fc	7.86E+04	3.50E-05	4.45E-10	330	Fc
	Fc/Fc*	5.45E+04	1.00-06	1.84E-11	11550	
	Fc*/Fc*	NB	NB	NB	NB	
Ab3	Fc/Fc	1.77E+05	4.08E-02	2.30E-07	0.3	Fc
	Fc/Fc*	4.51E+04	2.60E-02	5.77E-07	0.4	
	Fc*/Fc*	NB	NB	NB	NB	
Ab4	Fc/Fc	NB	NB	NB	NB	Fc*
	Fc/Fc*	6.00E+03	1.00E-06	2.00E-10	11550	
	Fc*/Fc*	2.22E+04	9.56E-06	4.50E-10	1209	

[0175]

[0176]

[0178]

[0179]

[0180]

Ab5	Fc/Fc	NB	NB	NB	NB	Fc*
	Fc/Fc*	3.11E+05	1.00E-06	3.21E-12	11550	
	Fc*/Fc*	5.57E+05	1.00E-06	1.79E-12	11550	
Ab6	Fc/Fc	NB	NB	NB	NB	Fc*
	Fc/Fc*	4.48E+05	7.43E-04	1.66E-09	16	
	Fc*/Fc*	8.73E+05	5.93E-04	6.79E-10	19	
Ab7	Fc/Fc	6.02E+05	2.42E-04	4.02E-10	48	비-특이적
	Fc/Fc*	4.90E+05	2.15E-04	4.39E-10	54	
	Fc*/Fc*	4.46E+05	3.20E-02	7.18E-08	0.4	
Ab8	Fc/Fc	2.59E+05	4.88E-04	1.88E-09	24	비-특이적
	Fc/Fc*	1.88E+05	4.02E-04	2.14E-09	29	
	Fc*/Fc*	4.10E+04	3.90E-02	9.60E-07	0.3	

- [0181] 중쇄 및 경쇄 서열을 항-Fc ScFv 표면 캡쳐 분자를 개발하는데 사용하였다. Ab2-구동된 항-Fc ScFv-Fc y R 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산을 제조하기 위해, Ab2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인 (SEQ ID NO:15) 및 Ab2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인 (SEQ ID NO:16) 아미노산 서열을 역번역하였고 CHO 세포 발현에 코돈 최적화하였다. 유사하게, 인간 Fc y RI의 C-말단 부분을 CHO 세포 발현에 대하여 코돈 최적화하였다. 코돈 최적화된 뉴클레 오티드 서열을 폴리머라제 연쇄 반응을 통해 증폭하였고 결찰하여 SEQ ID NO:19의 ScFv-Fc y R 융합 단백질을 암호화하는 인접한 핵산 서열 (SEQ ID NO:20)을 형성한다.
 - ScFv-Fc ɣ R-TM-cyto 융합 단백질을 암호화하는 핵산을 표준 pcr 및 제한 엔도뉴클레아제 클로닝 기술을 사용하여 발현 벡터로 삽입하였다. SEQ ID NO:23에서 예시된, 결과로 얻은 원형 플라스미드는 베타-락타마제-암호화핵산 서열, 및 두 개의 오페론을 포함한다. 제1 오페론은 네오마이신 저항성 마커와 함께, 황색 형광 단백질 (YFP), 녹색 형광 단백질의 변이체를 암호화하는 핵산 서열을 포함하며, SV40 프로모터 (예를 들어, SEQ ID NO:24)에 의해 구동된다. 제2 오페론은 본 발명의 본 양태의 목적을 위한 벡터의 "비지니스-엔드(businessend)"이며, 코돈-최적화된 ScFv-Fc ɣ R 융합 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하고, hCMV-IE 프로모터 및 hCMV 인트론 (예를 들어, SEQ ID NO:25)에 의해 구동된다.
 - CHO-K1 세포를 SEQ ID NO:23의 플라스미드로 트랜스펙션하였다. SEQ ID NO:22의 선형 구조를 그것들의 게놈으로 통합한 안정한 구성요소를 분리하였다.
 - 원형 플라스미드는 제1 오페론 및 제2 오페론을 플랭킹(flanking)하는 두 개의 Lox 부위를 함유하여 선형 구조로서 상기 오페론의 숙주 세포의 게놈으로의 통합을 허용한다. 제1 Lox 부위에서 제2 Lox 부위로 스패닝(spanning)하는 선형 구조는 SEQ ID NO:22에서 예시되고 5-프라임에서 3-프라임으로 SV40 프로모터, 네오마이신-저항성을 암호화하는 핵산, IRES, eYFP를 암호화하는 핵산, SV40 폴리아데닐화 서열, hCMV-IE 프로모터, hCMV인트론, Tet-오퍼레이터(operator) 서열 (ScFv-Fc ɣ R-TM-cyto 융합 단백질의 제어된 발현을 위한), mROR 신호서열을 암호화하는 핵산, Ab2 ScFv를 암호화하는 핵산, Fc ɣ R 막관통 및 세포질 부분을 암호화하는 핵산 (SEQ ID NO: 21), 및 SV40 폴리아데닐화 서열을 포함한다.

[0185] 실시예 17: ScFv-Fc y R-TM-cyto 표면 캡쳐 표적

[0182]

[0183]

[0184]

[0186]

SEQ ID NO:22의 통합된 서열을 함유하는 CHO-K1 세포를 다양한 서브타입의 항체, 예를 들어, IgG1, IgG2, IgG4, 95R/435R-96F/436F 이중 치환을 갖는 하나의 CH3 도메인을 함유하는 한편 다른 CH3 도메인은 야생형인 IgG4 이중 특이적 항체 (IgG4 Fc/Fc*), 및 IgG1 Fc/Fc* 포맷의 IgG1 이중 특이적 항체를 암호화하는 플라스미드로 트랜스펙션하였다. 세포에 독시시클린을 처리하여 항체와 함께 캡쳐 분자의 생산을 유발하였다. 항체 및 캡쳐 분자의 동시-발현 후, 일부 경우에서 세포에 hFc 차단 단백질, 및 검출 분자 (FITC-표지된 항-hFab)를 처리하였다. 표 3은 결과를 요약하고, 일반적으로 ScFv-Fc ɣR 표면 캡쳐 융합 단백질이 IgG4, IgG2, 및 IgG1 분자에 결합하는 한편, 야생형 Fc ɣR 표면 캡쳐 분자가 IgG에 결합하지만, IgG4 또는 IgG2에는 결합하지 않는다는 것을 나타낸다.

丑 3

[0187] 차단 분자 경쟁 검정

		임의의 FITC 유닛 (hFc 차단 분자가 있거나 없음)-모드								
항체	hFc 없음	hFc (1시간)	hFc (2시간)	hFc (20시간)	코팅 안됨					
	캡쳐 분자 = ScFv-Fc y R-TM-cyto									
	검출 분지	} = FITC-항-hFab								
IgG1 mAb-3	250	120	80	20	10	예				
IgG4 mAb-4	250	100	55	20	10	예				
IgG4 mAb-5	250	70	40	20	10	예				
IgG2 mAb-6	2001	ND	ND	ND	12 ²	예				
	캡쳐 분지	} = hFcγR	·	•	·					
	검출 분지	} = FITC-항-hFab								
IgG1 mAb-3	300	80	30	9	3.5	예				
IgG4 mAb-4	100	2	2	2	2	아니오				
IgG4 mAb-5	35									

[0188] $^{1} + Dox^{2} - Dox$

[0189]

[0190]

[0191]

[0192]

[0193]

[0194]

실시예 18: Ab6 및 Ab6-유래된 ScFv*-Fc y R-TM-cyto를 생산하는 세포주

Fc*-특이적 Ab6의 중쇄 및 경쇄를 시퀀싱하였다. 경쇄의 아미노산 서열을 SEQ ID NO:41인 것으로 결정하였다. 중쇄의 아미노산 서열을 SEQ ID NO:40인 것으로 결정하였다. 재조합 Ab6 항체를 제조하기 위해, 중쇄를 암호화하는 발현 벡터 플라스미드를 구성하였고 경쇄를 암호화하는 발현 벡터 플라스미드를 구성하였다. 항체를 발현하기 위해, 두 플라스미드 모두를 CHO-K1 세포로 트랜스펙션하였고, 안정한 형질전환체를 분리하였으며, 발현은 구성적 CMV 프로모터에 의해 구동되었다.

Ab6-유래된 항-Fc*-특이적 ScFv*-Fc y R 표면 캡쳐 분자를 암호화하는 핵산을 제조하기 위해, Ab6 항체의 면역글로불린 중쇄 가변 도메인 (SEQ ID NO:38) 및 Ab6의 면역글로불린 경쇄 가변 도메인 (SEQ ID NO:39) 아미노산 서열을 역번역하였고 CHO 세포 발현에 대하여 코돈 최적화하였다. 유사하게, 인간 Fc y RI의 C-말단 부분 (SEQ ID NO: 21)을 CHO 세포 발현에 대하여 코돈 최적화하였다. 코돈 최적화된 뉴클레오티드 서열을 폴리머라제 연쇄 반응을 통해 증폭하였고 결찰하여 항-Fc* ScFv*-Fc y R 융합 단백질 (SEQ ID NO:43)을 암호화하는 인접한 핵산 서열 (SEQ ID NO:45)을 형성한다.

ScFv*-Fc ɣ R-TM-cyto 융합 단백질을 암호화하는 핵산을 표준 PCR 및 제한효소 엔도뉴클레아제 클로닝 기술을 사용하여 발현 벡터로 삽입하였다. SEQ ID NO:44에서 예시된, 결과로 얻은 원형 플라스미드는 베타-락타마제-암호화 핵산 서열, 및 두 개의 오페론을 포함한다. 제1 오페론은 네오마이신 저항성 마커와 함께, 황색 형광 단백질 (YFP), 녹색 형광 단백질의 변이체를 암호화하는 핵산 서열을 포함하며, SV40 프로모터 (예를 들어, SEQ ID NO:46)에 의해 구동된다. 제2 오페론은 본 발명의 본 양태의 목적을 위한 벡터의 "비지니스-엔드"이며, 코돈-최적화된 항-Fc* ScFv-Fc ɣ R 융합 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하고, hCMV-IE 프로모터 및 hCMV 인트론 (예를 들어, SEQ ID NO:47)에 의해 구동된다.

CHO-K1 세포를 SEQ ID NO:44의 플라스미드로 트랜스펙션하였다. SEQ ID NO:48의 선형 구조를 통합한 안정한 구성요소를 분리하였다.

원형 플라스미드는 제1 오페론 및 제2 오페론을 플랭킹하는 두 개의 Lox 부위를 함유하여 선형 구조로서 상기 오페론의 숙주 세포의 게놈으로의 통합을 허용한다. 제1 Lox 부위에서 제2 Lox 부위로 스패닝하는 선형 구조는 SEQ ID NO:48에서 예시되고 5-프라임에서 3-프라임으로 SV40 프로모터, 네오마이신-저항성을 암호화하는 핵산, IRES, eYFP를 암호화하는 핵산, SV40 폴리아데닐화 서열, hCMV-IE 프로모터, hCMV 인트론, Tet-오퍼레이터 서열 (항-Fc* ScFv*-Fc y R 융합 단백질의 제어된 발현을 위한), mROR 신호 서열을 암호화하는 핵산, Ab6-유래된 항-Fc*-특이적 ScFv*를 암호화하는 핵산, Fc y R 막관통 및 세포질 부분을 암호화하는 핵산 (SEQ ID NO: 21), 및 SV40 폴리아데닐화 서열을 포함한다.

[0195] 실시예 19: 이중 특이적 항체 분류

[0196] 항-Fc 캡쳐 & 항-Fc* 검출

[0197]

Ab2-유래된 항-Fc-특이적 ScFv-Fc x R 표면 캡쳐 시스템을 이중 특이적 항체를 테스트하는 세포를 검출하고 이것들을 풍부화하는 능력에 대하여 테스트하였다. CH3 도메인 중 하나에서 95R/435R-96F/436F 치환을 가지고 있는 (Fc*로 지정됨) 이중 특이적 항체를 검출하는 능력을 평가하기 위해, 다양한 항체를 차단 분자로서 hFc, 및 검출 분자로서 FITC-표지된 Ab6 항-Fc* 항체 (예를 들어, SEQ ID NO:40의 HC, SEQ ID NO:41의 LC를 가진 mAb)를 사용하여, Ab2-유래된 항-Fc-특이적 ScFv-Fc x R 표면 캡쳐 세포주에서 발현시켰다. Ab2-유래된 항-Fc-특이적 ScFv-Fc x R 표면 캡쳐 세포주는 검출 분자로서 Fc*-특이적 Ab6을 사용하여 어떤 Fc*/Fc* 또는 Fc/Fc 단일 특이적 항체보다 이중 특이적 항체 (Fc/Fc*)를 검출하고 구별할 수 있었다 (표 4). 야생형 Fc x R 표면 캡쳐 세포주는 Fc/Fc*, Fc*/Fc*, 및 Fc/Fc IgG4 중 사이에서 구별할 수 없었는데, Fc x R이 IgG4에 결합할 수 없거나, 매우 낮은 친화도로 결합하기 때문이다.

[0198]

항-Fc* 캡쳐 & 항-Fc 검출

[0199]

반대로, Ab6-유래된 항-Fc*-특이적 ScFv*-Fc y R 표면 캡쳐 시스템을 이중 특이적 항체를 생산하는 세포를 검출하고 풍부화하는 능력에 대하여 테스트하였다. CH3 도메인 중 하나에서 95R/435R-96F/436F 치환을 가지고 있는 (Fc*로 지정됨) 이중 특이적 항체를 검출하는 능력을 평가하기 위해, 다양한 항체를 차단 분자로서 hFc, 및 검출 분자로서 비-치환된 CH3을 인식하는 Alexa 488-표지된 Ab2 항-Fc 항체를 사용하여, Ab6-유래된 항-Fc*-특이적 ScFv*-Fc y R 표면 캡쳐 세포주에서 발현시켰다. Ab6-유래된 항-Fc*-특이적 ScFv*-Fc y R 표면 캡쳐 세포주는 검출 분자로서 Fc-특이적 Ab2를 사용하여 어떤 Fc*/Fc* 또는 Fc/Fc 단일 특이적 항체보다 이중 특이적 항체 (Fc/Fc*)를 검출하고 구별할 수 있었다 (표 4). Fc y R 표면 캡쳐 세포주는 Fc/Fc*, Fc*/Fc*, 및 Fc/Fc IgG4 종 사이에서 구별할 수 없었다.

[0200]

표 4 이중 특이적 항체의 검출 - 평균 형광 강도 (MFI)

			IgG1			IgG4		
1 CSCP	² DM	Fc/Fc*	Fc*/Fc*	Fc/Fc	Fc/Fc*	Fc*/Fc*	Fc/Fc	Fc/Fc* 특이성
FcgR	Ab2	500	ND	350	200	200	200	아니오 아니오
	Ab6	200	200	200	ND	ND	ND	아니오
	항-hFc	1800	ND	1000	ND	ND	ND	아니오
ScFv-Fc y R	Ab6	500	15	15	500	15	15	예
-	항-hFc	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
ScFv*-Fc y R	Ab2	150	10	10	ND	ND	ND	예
	항-hFc	200	ND	10	ND	ND	ND	예

[0201]

¹ 세포 표면 캡쳐 단백질 ² 검출 분자

분은 Fc/Fc인 것으로 예상된다.

실시예 20: Fc/Fc* 이중 특이적 항체의 풍부화

[0202] [0203]

이중 특이적 항체를 분류하고 풍부화하는 (Ab2-유래된) ScFv-Fc y R CSCP/ (Ab6) 항-Fc DM 및 (Ab6-유래된) ScFv*-Fc y R CSCP/ (Ab2) 항-Fc DM 시스템의 능력을 평가하기 위해, 차단 분자로서 hFc 및 검출 분자로서 FITC-표지된 항-Fc* (Ab6) 항체를 사용하여, Fc/Fc* IgG4 단클론성 항체 (IgG4-mAb-2) 및 항-Fc ScFv-Fc y R 융

합 단백질을 동시-발현하는 세포주는 Fc/Fc* 종의 생산을 풍부화하기 위해 연속적 형광성 활성화된 세포 분류 및 풀링을 받았다. 제5 및 제7 일련의 풀로부터 Fc/Fc*을 수득하는 세포를 총 항체 역가 및 각 항체 포맷의 역가에 대하여 분석하였다: Fc/Fc*, Fc/Fc, 및 Fc*/Fc*. 세포가 전적으로 수학적인 퍼네트 제곱 분석(Punnett square analysis)에 의해 비-치환된 CH3 도메인 ("Fc", 즉, IMGT 위치 95에서 히스티딘 및 IMGT 위치 96에서 티로신 포함)을 암호화하는 중쇄 및 치환된 CH3 도메인 ("Fc*", 즉, IMGT 위치 95에서 아르기닌 및 IMGT 위치 96에서 페닐알라닌 96 포함)을 암호화하는 중쇄 둘 다를 암호화하기 때문에, 세포는 이론상으로 25% Fc/Fc, 50% Fc/Fc*, 및 25% Fc*/Fc*를 생산할 것으로 예상된다. 하지만, 생물학적으로, 생산된 항체의 (사전-풍부화) 대부

[0204]

표 5에서 나타난 바와 같이, 이중 특이적 항체 생산을 위해 선택되고, 풀링되고, 풍부화된 세포는 49% Fc/Fc* 종만큼을 생산하였으며, 적어도 약 3.2 g/L의 Fc/Fc* 이중 특이적 항체의 역가를 갖는다.

표 5
Fc/Fc* 이중 특이적 항체 IgG4-mAb-2의 풍부화

		Fc/l	Fc/Fc*		Fc	Fc*/	Fc*
풀	세포주	역가(g/L)	%	역가(g/L)	%	역가(g/L)	%
5	1	1.2	28	2.2	50	0.99	23
	2	1.9	49	1.3	32	0.73	19
	3	1.5	47	1.2	40	0.40	13
	4	1.6	37	1.3	31	1.3	32
	5	1.5	48	1.1	35	0.58	18
	6	1.8	47	1.3	33	0.75	20
6	7	2.6	44	2.0	34	1.3	23
	8	3.2	42	2.4	31	2.0	27
	9	2.1	45	1.5	33	1.0	22
	10	2.8	43	2.0	31	1.7	28
	11	2.3	44	1.6	31	1.3	24

상기 언급된 발명은 예시 및 예의 방법으로도 어느 정도 상세히 설명되었지만, 특정 변화 및 변형은 첨부된 청구범위의 사상 또는 범위에서 벗어나지 않고 본 발명의 교시 내용으로 이루어질 수도 있다는 것이 당업자에게 쉽게 분명해질 것이다.

서 열 목 록

[0205]

[0206]

SEQUENCE LISTING

<110> Regeneron Pharmaceuticals, Inc.

<120> RECOMBINANT CELL SURFACE CAPTURE PROTEINS

<130> 8600-WO

<150> US 61/726,040

<151> 2012-11-14

<160> 51

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 195

<212> PRT

<213> Streptococcus

<400>

Thr Tyr Lys Leu Ile Leu Asn Gly Lys Thr Leu Lys Gly Glu Thr Thr

1 5 10 15

Thr Glu Ala Val Asp Ala Ala Thr Ala Glu Lys Val Phe Lys Gln Tyr

20 25 30

Ala Asn Asp Asn Gly Val Asp Gly Glu Trp Thr Tyr Asp Asp Ala Thr 40 Lys Thr Phe Thr Val Thr Glu Lys Pro Glu Val Ile Asp Ala Ser Glu 55 Leu Thr Pro Ala Val Thr Thr Tyr Lys Leu Val Ile Asn Gly Lys Thr 70 75 65 Leu Lys Gly Glu Thr Thr Thr Glu Ala Val Asp Ala Ala Thr Ala Glu 90 85 Lys Val Phe Lys Gln Tyr Ala Asn Asp Asn Gly Val Asp Gly Glu Trp 105 Thr Tyr Asp Asp Ala Thr Lys Thr Phe Thr Val Thr Glu Lys Pro Glu 115 120 125 Val Ile Asp Ala Ser Glu Leu Thr Pro Ala Val Thr Thr Tyr Lys Leu 130 135 140 Val Ile Asn Gly Lys Thr Leu Lys Gly Glu Thr Thr Thr Lys Ala Val 150 155 145 160 Asp Ala Glu Thr Ala Glu Lys Ala Phe Lys Gln Tyr Ala Asn Asp Asn 170 Gly Val Asp Gly Val Trp Thr Tyr Asp Asp Ala Thr Lys Thr Phe Thr 180 185 190 Val Thr Glu 195 <210> 2 <211> 96 <212> PRT <213> Homo sapiens <400> 2 Gln Val Leu Gly Leu Gln Leu Pro Thr Pro Val Trp Phe His Val Leu 1 10 15 Phe Tyr Leu Ala Val Gly Ile Met Phe Leu Val Asn Thr Val Leu Trp 25

Val Thr Ile Arg Lys Glu Leu Lys Arg Lys Lys Lys Trp Asp Leu Glu

40 35 45 Ile Ser Leu Asp Ser Gly His Glu Lys Lys Val Thr Ser Ser Leu Gln 55 Glu Asp Arg His Leu Glu Glu Glu Leu Lys Cys Gln Glu Gln Lys Glu 65 70 75 80 Glu Gln Leu Gln Glu Gly Val His Arg Lys Glu Pro Gln Gly Ala Thr 85 90 95 <210> 3 <211> 33 <212> DNA <213> artificial sequence <220><223> synthetic <400> 3 33 cgggctgatg ctgcaccaac tgtatccatc ttc <210> 4 <211> 33 <212> DNA <213> artificial sequence <220><223> synthetic <400> 4 acactetece etgttgaage tettgacaat ggg 33 <210> 5 <211> 31 <212 > DNA <213> artificial sequence <220><223> synthetic <400> 5 31 gccaaaacaa cagccccatc ggtctatcca c <210> 6 <211> 35 <212> DNA <213> artificial sequence

<220><223> synthetic

<400> 6	
tcatttaccc ggagtccggg agaagctctt agtcg	35
<210> 7	
<211> 47	
<212> DNA	
<213> artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 7	
gagagtacct gcgtcatgca gatgtgaaac tgcaggagtc tggccct	47
<210> 8	
<211> 38	
<212> DNA	
<213> artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 8	
gagagacctg cgtcagctga ggagacggtg accgtggt	38
<210> 9	
<211> 35	
<212> DNA	
<213> artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 9	
gagagggtct cacagccaaa acaacagccc catcg	35
<210> 10	
<211> 42	
<212> DNA	
<213> artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 10	
gagagggtct ccggccgctc atttacccgg agtccgggag aa	42
<210> 11	
<211> 40	
<212> DNA	

```
<213> artificial sequence
<220><223> synthetic
<400> 11
gagagegtet catgeagaea tecagatgae ceagteteea
                                                                     40
<210> 12
<211> 40
<212> DNA
<213> artificial sequence
<220><223> synthetic
<400> 12
                                                                     40
gagagcgtct cacagcccgt tttatttcca gcttggtccc
<210> 13
<211> 36
<212> DNA
<213> artificial sequence
<220><223> synthetic
<400> 13
                                                                     36
gagagggtct cagctgatgc tgcaccaact gtatcc
<210> 14
<211> 48
<212> DNA
<213> artificial sequence
<220><223> synthetic
<400> 14
gagagggtct caggccgctc aacactctcc cctgttgaag ctcttgac
                                                                     48
<210> 15
<211> 113
<212> PRT
<213> Homo sapiens
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Ala Lys Pro Gly Ala Ser Val
                                 10
Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Trp Ile
```

His Trp Glu Lys Gln Arg Pro Glu Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr 40 Ile Asn Pro Asn Thr Gly His Thr Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Arg Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln 70 75 Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg 85 90 Thr Tyr Ser Gly Ser Ser His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr 105 100 110 Leu <210> 16 <211> 112 <212> PRT <213> Homo sapiens <400> 16 Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Val Ser Leu Pro Val Ser Leu 1 5 10 Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His 20 25 Asn Asn Gly Asp Thr Phe Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln 40 Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val 55 Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys 70 75 65 80 Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln

Thr Thr Leu Ile Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

25

30

20

<210> 17													
<211> 21													
<212> PRT													
<213> Homo	sap	iens											
<400> 17													
Val Leu Phe	Tyr	Leu	Ala	Val	Gly	Ile	Met	Phe	Leu	Val	Asn	Thr	Val
1		5					10					15	
Leu Trp Val	Thr	Ile											
	20												
<210> 18													
<211> 61													
<212> PRT													
<213> Homo	sap	iens											
<400> 18													
Arg Lys Glu	Leu	Lys	Arg	Lys	Lys	Lys	Trp	Asp	Leu	Glu	Ile	Ser	Leu
1		5					10					15	
Asp Ser Gly	His	Glu	Lys	Lys	Val	Thr	Ser	Ser	Leu	Gln	Glu	Asp	Arg
	20					25					30		
His Leu Glu	Glu	Glu	Leu	Lys	Cys	Gln	Glu	Gln	Lys	Glu	Glu	Gln	Leu
35					40					45			
Gln Glu Gly	Val	His	Arg	Lys	Glu	Pro	Gln	Gly	Ala	Thr			
50				55					60				
<210> 19													
<211> 334													
<212> PRT													
<213> arti	ficia	al se	equei	ıce									
<220><223>	syn	thet	ic										
<400> 19													
Gln Val Gln	Leu	Gln	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Leu	Ala	Lys	Pro	Gly	Ala
1		5					10					15	
l Ser Val Ivs	Mot		Cvo	Lvo	A10	Sor		Туг	Thr	Pho	Thr		Tur
Ser Val Lys	ме t 20	201	CyS	гуS	nid	25	ury	1 y 1	1111	1 11C	30	11011	1 y 1
	20					20					00		

105

110

100

Trp	Ile	His	Trp	Glu	Lys	Gln	Arg	Pro	Glu	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Ile
		35					40					45			
Gly	Tyr	Ile	Asn	Pro	Asn	Thr	Gly	His	Thr	Glu	Tyr	Asn	Gln	Lys	Phe
	50					55					60				
Lys	Asp	Lys	Ala	Thr	Leu	Thr	Ala	Asp	Arg	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	Tyr
65					70					75					80
Met	Gln	Leu	Ser	Ser	Leu	Thr	Ser	Glu	Asp	Ser	Ala	Val	Tyr	Phe	Cys
				85					90					95	
Ala	Arg	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ser	Ser	His	Phe	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly
			100					105					110		
Thr	Thr	Leu	Ile	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly
		115					120					125			
Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Ile	Val	Met	Thr	Gln	Thr	Pro	Val	Ser
	130					135					140				
Leu	Pro	Val	Ser	Leu	Gly	Asp	Gln	Ala	Ser	Ile	Ser	Cys	Arg	Ser	Ser
145					150					155					160
Gln	Ser	Leu	Val	His	Asn	Asn	Gly	Asp	Thr	Phe	Leu	His	Trp	Tyr	Leu
				165					170					175	
Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Ser	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	Lys	Val	Ser	Asn
			180					185					190		
Arg	Phe	Ser	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr
		195					200					205			
Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Ile	Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Gly	Val
	210					215					220				
Tyr	Phe	Cys	Ser	Gln	Thr	Thr	Leu	Ile	Pro	Arg	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly
225					230					235					240
Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Arg	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Val	Leu	Phe	Tyr
				245					250					255	
Leu	Ala	Val	Gly	Ile	Met	Phe	Leu	Val	Asn	Thr	Val	Leu	Trp	Val	Thr
			260					265					270		
Ile	Arg	Lys	Glu	Leu	Lys	Arg	Lys	Lys	Lys	Trp	Asp	Leu	Glu	Ile	Ser

275 285 280 Leu Asp Ser Gly His Glu Lys Lys Val Thr Ser Ser Leu Gln Glu Asp 295 Arg His Leu Glu Glu Glu Leu Lys Cys Gln Glu Gln Lys Glu Gln 305 310 315 320 Leu Gln Glu Gly Val His Arg Lys Glu Pro Gln Gly Ala Thr 325 330 <210> 20 <211> 1005 <212> DNA <213> artificial sequence <220><223> synthetic <400> 20 60 caagtacaac tgcaacaaag cggagctgaa ctggccaaac caggcgcttc cgtgaagatg 120 tcttgtaaag ccagcgggta tacatttact aattactgga ttcactggga gaagcaaaga cctgaacagg gattggaatg gattggatac attaatccta acaccggaca cacagagtat 180 240 aatcaaaaat tcaaggataa ggccaccctc acagccgaca gatcttcttc aaccgcctat atgcaacttt cttccctcac ttctgaagac tccgcagttt acttttgcgc acgaacttat 300 tctggaagct cccatttcga ctactggggt caaggaacaa cactgatcgt gtctagcggc 360 420 ggcggaggt ccggcggggg cggtagcggt ggcggaggtt ctgatattgt catgactcaa acacctgtct ctctgcctgt ttcacttgga gatcaagcta gcatttcctg ccgctctagt 480 $caatctctcg\ tccacaacaa\ cggcgatact\ ttcttgcatt\ ggtatctgca\ gaaaccaggt$ 540 600 cagtcaccta aactgcttat atacaaagtc tctaatagat tctcaggggt gccagatcga ttcagtggtt ctgggtccgg tacagatttt acactcaaga tatccagagt agaagcagaa 660 720 gatctgggcg tgtatttctg cagtcaaaca acacttattc ctcgtacttt tggaggcggt acaaaactgg agatcaagcg tggaggcgga gggagtgttt tgttttatct ggccgttggg 780 840 ataatgtttc tcgtaaatac agtactttgg gtaacaataa ggaaggaact gaagagaaag aaaaaatggg atctggaaat atcattggac agtggacacg aaaaaaaagt cacatcatca 900 960 ttgcaagaag accggcactt ggaggaggaa ctgaaatgtc aagagcaaaa agaagaacaa ctgcaagaag gcgtacatag aaaagaacca cagggagcaa catag 1005 <210> 21 <211> 82

<212> PRT <213> Homo sapiens <400> 21 Val Leu Phe Tyr Leu Ala Val Gly Ile Met Phe Leu Val Asn Thr Val 1 5 10 15 Leu Trp Val Thr Ile Arg Lys Glu Leu Lys Arg Lys Lys Trp Asp 20 25 Leu Glu Ile Ser Leu Asp Ser Gly His Glu Lys Lys Val Thr Ser Ser 40 Leu Gln Glu Asp Arg His Leu Glu Glu Glu Leu Lys Cys Gln Glu Gln 55 Lys Glu Glu Gln Leu Gln Glu Gly Val His Arg Lys Glu Pro Gln Gly 65 70 75 80 Ala Thr <210> 22 <211> 5759 <212> DNA <213> artificial sequence <220><223> synthetic <400> 22 acaacttcgt atagcataca ttatacgaag ttatggtacc aagcctaggc ctccaaaaaa 60 120 gcctcctcac tacttctgga atagctcaga ggcagaggcg gcctcggcct ctgcataaat 180 aaaaaaaatt agtcagccat ggggcggaga atgggcggaa ctgggcggag ttaggggcgg 240 gatgggcgga gttaggggcg ggactatggt tgctgactaa ttgagatgca tgctttgcat acttctgcct gctggggagc ctggggactt tccacacctg gttgctgact aattgagatg 300 360 catgctttgc atacttctgc ctgctgggga gcctggggac tttccacacc ggatccacca tgggttcagc tattgagcag gatgggttgc atgctggtag tcccgccgca tgggtcgaac 420 gactgtttgg atacgattgg gcccaacaga ctataggctg ttccgacgct gctgtctttc 480 gtctttctgc acaaggtcgt ccagttctgt tcgtgaaaac cgacttgtcc ggagccctca 540 atgagttgca agacgaagct gcacgactga gttggcttgc caccactggt gtcccatgtg 600

ccgcagtact tgacgtcgtc acagaggctg gtcgcgattg gttgctcctt ggagaagtgc

660

ccggccaaga tcttctcagt tcccaccttg ccctgccga aaaagtttca ataatggctg 720 780 acgctatgag aaggctgcac acccttgacc ctgccacatg tccattcgat caccaagcca aacaccgaat tgaacgagct agaacccgca tggaagccgg cctcgttgat caagacgatt 840 900 tggatgagga acaccagggt ctcgcacccg ctgaactctt cgctcgcctc aaagcacgaa tgccagacgg agatgacttg gtcgtaaccc acggagatgc ctgccttcct aacataatgg 960 1020 tagagaatgg aagatttagc ggcttcattg attgtggacg acttggagtt gcagatcggt accaagatat cgctctcgct accagagata ttgctgaaga attgggcgga gaatgggctg 1080 atcggtttct cgtactctac ggaattgccg cacctgattc ccaacgcatt gctttttacc 1140 1200 gtettetgga tgagttette taaaegegte eeceetetee eteeecee eetaaegtta 1260 ctggccgaag ccgcttggaa taaggccggt gtgcgtttgt ctatatgtta ttttccacca tattgccgtc ttttggcaat gtgagggccc ggaaacctgg ccctgtcttc ttgacgagca 1320 ttcctagggg tctttcccct ctcgccaaag gaatgcaagg tctgttgaat gtcgtgaagg 1380 1440 aagcagttcc tctggaagct tcttgaagac aaacaacgtc tgtagcgacc ctttgcaggc ageggaacce cecacetgge gacaggtgee tetgeggeea aaagecaegt gtataagata 1500 cacctgcaaa ggcggcacaa ccccagtgcc acgttgtgag ttggatagtt gtggaaagag 1560 1620 tcaaatggct ctcctcaagc gtattcaaca aggggctgaa ggatgcccag aaggtacccc 1680 attgtatggg atctgatctg gggcctcggt gcacatgctt tacatgtgtt tagtcgaggt taaaaaacgt ctaggccccc cgaaccacgg ggacgtggtt ttcctttgaa aaacacgatt 1740 1800 gctcgaatca ccatggtgag caagggcgag gagctgttca ccggggtggt gcccatcctg 1860 gtcgagctgg acggcgacgt aaacggccac aagttcagcg tgtccggcga gggcgagggc 1920 gatgccacct acggcaagct gaccctgaag ttcatctgca ccaccggcaa gctgcccgtg ccctggccca ccctcgtgac caccttcggc tacggcctgc agtgcttcgc ccgctacccc 1980 2040 gaccacatga agcagcacga cttcttcaag tccgccatgc ccgaaggcta cgtccaggag cgcaccatct tcttcaagga cgacggcaac tacaagaccc gcgccgaggt gaagttcgag 2100 2160 ggcgacaccc tggtgaaccg catcgagctg aagggcatcg acttcaagga ggacggcaac 2220 atcctggggc acaagctgga gtacaactac aacagccaca acgtctatat catggccgac 2280 aagcagaaga acggcatcaa ggtgaacttc aagatccgcc acaacatcga ggacggcagc gtgcagctcg ccgaccacta ccagcagaac acccccatcg gcgacggccc cgtgctgctg 2340 cccgacaacc actacctgag ctaccagtcc gccctgagca aagaccccaa cgagaagcgc 2400

gatcacatgg	tcctgctgga	gttcgtgacc	gccgccggga	tcactctcgg	catggacgag	2460
ctgtacaagt	aatcggccgc	taatcagcca	taccacattt	gtagaggttt	tacttgcttt	2520
aaaaaacctc	ccacacctcc	ccctgaacct	gaaacataaa	atgaatgcaa	ttgttgttgt	2580
taacttgttt	attgcagctt	ataatggtta	caaataaagc	aatagcatca	caaatttcac	2640
aaataaagca	ttttttcac	tgcattctag	ttgtggtttg	tccaaactca	tcaatgtatc	2700
ttatcatgtc	ggcgcgttga	cattgattat	tgactagtta	ttaatagtaa	tcaattacgg	2760
ggtcattagt	tcatagccca	tatatggagt	tccgcgttac	ataacttacg	gtaaatggcc	2820
cgcctggctg	accgcccaac	gaccccgcc	cattgacgtc	aataatgacg	tatgttccca	2880
tagtaacgcc	aatagggact	ttccattgac	gtcaatgggt	ggagtattta	cggtaaactg	2940
cccacttggc	agtacatcaa	gtgtatcata	tgccaagtac	gcccctatt	gacgtcaatg	3000
acggtaaatg	gcccgcctgg	cattatgccc	agtacatgac	cttatgggac	tttcctactt	3060
ggcagtacat	ctacgtatta	gtcatcgcta	ttaccatggt	gatgcggttt	tggcagtaca	3120
tcaatgggcg	tggatagcgg	tttgactcac	ggggatttcc	aagtctccac	cccattgacg	3180
tcaatgggag	tttgttttgg	caccaaaatc	aacgggactt	tccaaaatgt	cgtaacaact	3240
ccgccccatt	gacgcaaatg	ggcggt aggc	gtgtacggtg	ggaggtctat	ataagcagag	3300
	cagtgataga					3360
	cgcctggaga					3420
	cctccgcggc					3480
	taccgcctat					3540
	tggcttgggg					3600
	ataggtgtgg					3660
0 0	66 6 66		3			
						2720
	actaatccat					3720
	gtccttcaga					3780
	acaaattcac					3840
	tgggatctcc					3900
	cggagcttct					3960
	ctccttgctc					4020
ccaccaccag	tgtgccgcac	aaggccgtgg	cggtagggta	tgtgtctgaa	aatgagctcg	4080
gggagcgggc	ttgcaccgct	gacgcatttg	gaagacttaa	ggcagcggca	gaagaagatg	4140
caggcagctg	agttgttgtg	ttctgataag	agtcagaggt	aactcccgtt	gcggtgctgt	4200
taacggtgga	gggcagtgta	gtctgagcag	tactcgttgc	tgccgcgcgc	gccaccagac	4260

ataatagctg acagactaac agactgttcc tttccatggg tcttttctgc agtcaccgtc 4320 4380 cttgacacga agcttatact cgagctctag attgggaacc cgggtctctc gaattcgaga 4440 tctccaccat gcacagacct agacgtcgtg gaactcgtcc acctccactg gcactgctcg ctgctctcct cctggctgca cgtggtgctg atgcacaagt acaactgcaa caaagcggag 4500 4560 $\verb|ctgaactggc|| caaaccaggc|| gcttccgtga|| agatgtcttg|| taaagccagc|| gggtatacat||$ 4620 ttactaatta ctggattcac tgggagaagc aaagacctga acagggattg gaatggattg 4680 gatacattaa teetaacaee ggacacaeag agtataatea aaaatteaag gataaggeea ccctcacage cgacagatet tettcaaceg cetatatgca actttettee etcacttetg 4740 aagactccgc agtttacttt tgcgcacgaa cttattctgg aagctcccat ttcgactact 4800 4860 ggggtcaagg aacaacactg atcgtgtcta gcggcggcgg agggtccggc gggggcggta 4920 gcggtggcgg aggttctgat attgtcatga ctcaaacacc tgtctctctg cctgtttcac 4980 ttggagatca agctagcatt tcctgccgct ctagtcaatc tctcgtccac aacaacggcg 5040 atactttctt gcattggtat ctgcagaaac caggtcagtc acctaaactg cttatataca aagtetetaa tagattetea ggggtgeeag ategatteag tggttetggg teeggtacag 5100 attttacact caagatatcc agagtagaag cagaagatct gggcgtgtat ttctgcagtc 5160 aaacaacact tattcctcgt acttttggag gcggtacaaa actggagatc aagcgtggag 5220 5280 gcggagggag tgttttgttt tatctggccg ttgggataat gtttctcgta aatacagtac 5340 tttgggtaac aataaggaag gaactgaaga gaaagaaaaa atgggatctg gaaatatcat 5400 tggacagtgg acacgaaaaa aaagtcacat catcattgca agaagaccgg cacttggagg 5460 aggaactgaa atgtcaagag caaaaagaag aacaactgca agaaggcgta catagaaaag 5520 aaccacaggg agcaacatag gcggccgcta atcagccata ccacatttgt agaggtttta cttgctttaa aaaacctccc acacctcccc ctgaacctga aacataaaat gaatgcaatt 5580 gttgttgtta acttgtttat tgcagcttat aatggttaca aataaagcaa tagcatcaca 5640 5700 aatttcacaa ataaagcatt tttttcactg cattctagtt gtggtttgtc caaactcatc 5759 aatgtatctt atcatgtcta ccggtataac ttcgtataat gtatactata cgaagttag

<210> 23

<211> 7627

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220><223> synthetic

<400> 23

aagcttatac	tcgagctcta	gattgggaac	ccgggtctct	cgaattcgag	atctccacca	60
tgcacagacc	tagacgtcgt	ggaactcgtc	cacctccact	ggcactgctc	gctgctctcc	120
tcctggctgc	acgtggtgct	gatgcacaag	tacaactgca	acaaagcgga	gctgaactgg	180
ccaaaccagg	cgcttccgtg	aagatgtctt	gt aaagccag	cgggtataca	tttactaatt	240
actggattca	ctgggagaag	caaagacctg	aacagggatt	ggaatggatt	ggatacatta	300
atcctaacac	cggacacaca	gagtataatc	aaaaattcaa	ggataaggcc	accctcacag	360
ccgacagatc	ttcttcaacc	gcctatatgc	aactttcttc	cctcacttct	gaagactccg	420
cagtttactt	ttgcgcacga	acttattctg	gaagctccca	tttcgactac	tggggtcaag	480
gaacaacact	gatcgtgtct	agcggcggcg	gagggt ccgg	cgggggcggt	agcggtggcg	540
gaggttctga	tattgtcatg	actcaaacac	ctgtctctct	gcctgtttca	cttggagatc	600
aagctagcat	ttcctgccgc	tctagtcaat	ctctcgtcca	caacaacggc	gatactttct	660
tgcattggta	tctgcagaaa	ccaggtcagt	cacctaaact	gcttatatac	aaagtctcta	720
atagattctc	aggggt gcca	gatcgattca	gtggttctgg	gtccggtaca	gattttacac	780
tcaagatatc	cagagtagaa	gcagaagatc	tgggcgtgta	tttctgcagt	caaacaacac	840
ttattcctcg	tacttttgga	ggcggt acaa	aactggagat	caagcgtgga	ggcggaggga	900
gtgttttgtt	ttatctggcc	gttgggataa	tgtttctcgt	aaatacagta	ctttgggtaa	960
caataaggaa	ggaactgaag	agaaagaaaa	aatgggatct	ggaaatatca	ttggacagtg	1020
gacacgaaaa	aaaagt caca	tcatcattgc	aagaagaccg	gcacttggag	gaggaactga	1080
aatgtcaaga	gcaaaaagaa	gaacaactgc	aagaaggcgt	acatagaaaa	gaaccacagg	1140
gagcaacata	ggcggccgct	aatcagccat	accacatttg	tagaggtttt	acttgcttta	1200
aaaaacctcc	cacacctccc	cctgaacctg	aaacataaaa	tgaatgcaat	tgttgttgtt	1260
	ttgcagctta					1320
	ttttttcact					1380
tatcatgtct	accggtataa	cttcgtataa	tgtatactat	acgaagttag	ccggtagggc	1440
ccctctcttc	atgtgagcaa	aaggccagca	aaaggccagg	aaccgtaaaa	aggccgcgtt	1500
gctggcgttt	ttccataggc	tccgccccc	tgacgagcat	cacaaaaatc	gacgctcaag	1560
tcagaggtgg	cgaaacccga	caggactata	aagataccag	gcgtttcccc	ctggaagctc	1620
cctcatacac	tctcctgttc	cgaccctgcc	gcttaccgga	tacctoteco	cctttctccc	1680
	gtggcgcttt					1740
	aagctgggct					1800
	tatcgtcttg					1860
arceggraat	ruregicitg	agrecaact	55 ruugatat	Succeatingl	υαυιββυαβυ	1000

agccactggt	aacaggatta	gcagagcgag	gtatgtaggc	ggtgctacag	agttcttgaa	1920
gtggtggcct	aactacggct	acactagaag	aacagtattt	ggtatctgcg	ctctgctgaa	1980
gccagttacc	ttcggaaaaa	gagttggtag	ctcttgatcc	ggcaaacaaa	ccaccgctgg	2040
tagcggtggt	ttttttgttt	gcaagcagca	gattacgcgc	agaaaaaaag	gatctcaaga	2100
agatcctttg	atcttttcta	cggggtctga	cgctcagtgg	aacgaaaact	cacgttaagg	2160
gattttggtc	atgggcgcgc	ctcatactcc	tgcaggcatg	agattatcaa	aaaggatctt	2220
cacctagatc	cttttaaatt	aaaaat gaag	ttttaaatca	atctaaagta	tatatgagta	2280
aacttggtct	gacagttacc	aatgcttaat	cagtgaggca	cctatctcag	cgatctgtct	2340
atttcgttca	tccatagttg	cctgactccc	cgtcgtgtag	ataactacga	tacgggaggg	2400
cttaccatct	ggccccagtg	ctgcaatgat	accgcgagac	ccacgctcac	cggctccaga	2460
tttatcagca	ataaaccagc	cagccggaag	ggccgagcgc	agaagtggtc	ctgcaacttt	2520
	atccagtcta					2580
	cgcaacgttg					2640
tggtatggct	tcattcagct	ccggttccca	acgatcaagg	cgagttacat	gatcccccat	2700
gttgtgcaaa	aaagcggtta	gctccttcgg	tcctccgatc	gttgtcagaa	gtaagttggc	2760
cgcagtgtta	tcactcatgg	ttatggcagc	actgcataat	tctcttactg	tcatgccatc	2820
cgtaagatgc	ttttctgtga	ctggtgagta	ctcaaccaag	tcattctgag	aatagtgtat	2880
acaacaacca	agttgctctt	acceaacat c	aatacaaat	aatactgege	cacataggag	2940
						3000
	gtgctcatca					3060
	agatccagtt					3120
	accagcgttt					3180
	gcgacacgga					3240
	cagggttatt					3300
taaacaaata	ggggttccgc	gcacatttcc	ccgaaaagtg	ccaccigacg	tcaggtacac	5500
aacttcgtat	agcatacatt	atacgaagtt	atggtaccaa	gcctaggcct	ccaaaaaaagc	3360
ctcctcacta	cttctggaat	agct cagagg	cagaggcggc	ctcggcctct	gcataaataa	3420
aaaaaattag	tcagccatgg	ggcggagaat	gggcggaact	gggcggagt t	aggggcggga	3480
tgggcggagt	taggggcggg	actatggttg	ctgactaatt	gagatgcatg	ctttgcatac	3540
ttctgcctgc	tggggagcct	ggggactttc	cacacctggt	tgctgactaa	ttgagatgca	3600
tgctttgcat	acttctgcct	gctggggagc	ctggggactt	tccacaccgg	atccaccatg	3660

ggttcagcta ttgagcagga tgggttgcat gctggtagtc ccgccgcatg ggtcgaacga 3720 3780 ctgtttggat acgattgggc ccaacagact ataggctgtt ccgacgctgc tgtctttcgt ctttctgcac aaggtcgtcc agttctgttc gtgaaaaccg acttgtccgg agccctcaat 3840 3900 gagttgcaag acgaagctgc acgactgagt tggcttgcca ccactggtgt cccatgtgcc gcagtacttg acgtcgtcac agaggctggt cgcgattggt tgctccttgg agaagtgccc 3960 4020 ggccaagatc ttctcagttc ccaccttgcc cctgccgaaa aagtttcaat aatggctgac gctatgagaa ggctgcacac ccttgaccct gccacatgtc cattcgatca ccaagccaaa 4080 caccgaattg aacgagctag aacccgcatg gaagccggcc tcgttgatca agacgatttg 4140 4200 gatgaggaac accagggtct cgcacccgct gaactcttcg ctcgcctcaa agcacgaatg 4260 ccagacggag atgacttggt cgtaacccac ggagatgcct gccttcctaa cataatggta gagaatggaa gatttagcgg cttcattgat tgtggacgac ttggagttgc agatcggtac 4320 caagatateg etetegetae cagagatatt getgaagaat tgggeggaga atgggetgat 4380 4440 cggtttctcg tactctacgg aattgccgca cctgattccc aacgcattgc tttttaccgt cttctggatg agttcttcta aacgcgtccc ccctctccct ccccccccc taacgttact 4500 ggccgaagcc gcttggaata aggccggtgt gcgtttgtct atatgttatt ttccaccata 4560 4620 ttgccgtctt ttggcaatgt gagggcccgg aaacctggcc ctgtcttctt gacgagcatt 4680 cctaggggtc tttcccctct cgccaaagga atgcaaggtc tgttgaatgt cgtgaaggaa gcagttcctc tggaagcttc ttgaagacaa acaacgtctg tagcgaccct ttgcaggcag 4740 4800 cggaaccccc cacctggcga caggtgcctc tgcggccaaa agccacgtgt ataagataca 4860 cctgcaaagg cggcacaacc ccagtgccac gttgtgagtt ggatagttgt ggaaagagtc 4920 aaatggetet eeteaagegt atteaacaag gggetgaagg atgeecagaa ggtaeeceat tgtatgggat ctgatctggg gcctcggtgc acatgcttta catgtgttta gtcgaggtta 4980 5040 aaaaacgtct aggccccccg aaccacgggg acgtggtttt cctttgaaaa acacgattgc tcgaatcacc atggtgagca agggcgagga gctgttcacc ggggtggtgc ccatcctggt 5100 5160 cgagctggac ggcgacgtaa acggccacaa gttcagcgtg tccggcgagg gcgagggcga 5220 tgccacctac ggcaagetga ccctgaagtt catctgcacc accggcaagc tgcccgtgcc ctggcccacc ctcgtgacca ccttcggcta cggcctgcag tgcttcgccc gctaccccga 5280 ccacatgaag cagcacgact tcttcaagtc cgccatgccc gaaggctacg tccaggagcg 5340 caccatcttc ttcaaggacg acggcaacta caagacccgc gccgaggtga agttcgaggg 5400

cgacaccetg gtgaaccgca tcgagetgaa gggcatcgae ttcaaggagg acggcaacat 5460 5520 cctggggcac aagctggagt acaactacaa cagccacaac gtctatatca tggccgacaa 5580 gcagaagaac ggcatcaagg tgaacttcaa gatccgccac aacatcgagg acggcagcgt 5640 geagetegee gaccactace ageagaacae eeceategge gaeggeeeeg tgetgetgee 5700 cgacaaccac tacctgagct accagtccgc cctgagcaaa gaccccaacg agaagcgcga tcacatggtc ctgctggagt tcgtgaccgc cgccgggatc actctcggca tggacgagct 5760 gtacaagtaa teggeegeta ateageeata ceacatttgt agaggtttta ettgetttaa 5820 aaaacctccc acacctcccc ctgaacctga aacataaaat gaatgcaatt gttgttgtta 5880 actigittat igcagcitat aaiggitaca aataaagcaa tagcatcaca aaittcacaa 5940 6000 ataaagcatt tttttcactg cattctagtt gtggtttgtc caaactcatc aatgtatctt 6060 atcatgtcgg cgcgttgaca ttgattattg actagttatt aatagtaatc aattacgggg tcattagttc atagcccata tatggagttc cgcgttacat aacttacggt aaatggcccg 6120 cctggctgac cgcccaacga ccccgccca ttgacgtcaa taatgacgta tgttcccata 6180 gtaacgccaa tagggacttt ccattgacgt caatgggtgg agtatttacg gtaaactgcc 6240 cacttggcag tacatcaagt gtatcatatg ccaagtacgc cccctattga cgtcaatgac 6300 ggtaaatggc ccgcctggca ttatgcccag tacatgacct tatgggactt tcctacttgg 6360 6420 cagtacatct acgtattagt catcgctatt accatggtga tgcggttttg gcagtacatc 6480 aatgggcgtg gatagcggtt tgactcacgg ggatttccaa gtctccaccc cattgacgtc 6540 aatgggagtt tgttttggca ccaaaatcaa cgggactttc caaaatgtcg taacaactcc 6600 gccccattga cgcaaatggg cggtaggcgt gtacggtggg aggtctatat aagcagagct ctccctatca gtgatagaga tctccctatc agtgatagag atcgtcgacg tttagtgaac 6660 cgtcagatcg cctggagacg ccatccacgc tgttttgacc tccatagaag acaccgggac 6720 6780 cgatccagcc tccgcggccg ggaacggtgc attggaacgc ggattccccg tgccaagagt gacgtaagta ccgcctatag agtctatagg cccacccct tggcttctta tgcatgctat 6840 actgtttttg gcttggggtc tatacacccc cgcttcctca tgttataggt gatggtatag 6900 cttagcctat aggtgtgggt tattgaccat tattgaccac tcccctattg gtgacgatac 6960 tttccattac taatccataa catggctctt tgccacaact ctctttattg gctatatgcc 7020 7080 aatacactgt ccttcagaga ctgacacgga ctctgtattt ttacaggatg gggtctcatt tattatttac aaattcacat atacaacacc accgtcccca gtgcccgcag tttttattaa 7140 acataacgtg ggatctccac gcgaatctcg ggtacgtgtt ccggacatgg tctcttctcc 7200 ggtagcggcg gagcttctac atccgagccc tgctcccatg cctccagcga ctcatggtcg 7260

ctcggcagct ccttgctcct aacagtggag gccagactta ggcacagcac gatgcccacc	7320
accaccagtg tgccgcacaa ggccgtggcg gtagggtatg tgtctgaaaa tgagctcggg	7380
gagcgggctt gcaccgctga cgcatttgga agacttaagg cagcggcaga agaagatgca	7440
ggcagctgag ttgttgtgtt ctgataagag tcagaggtaa ctcccgttgc ggtgctgtta	7500
acggtggagg gcagtgtagt ctgagcagta ctcgttgctg ccgcgcgcgc caccagacat	7560
aatagctgac agactaacag actgttcctt tccatgggtc ttttctgcag tcaccgtcct	7620
tgacacg	7627
<210> 24	
<211> 2669	
<212> DNA	
<213> artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 24	
agcctaggcc tccaaaaaaag cctcctcact acttctggaa tagctcagag gcagaggcgg	60
cctcggcctc tgcataaata aaaaaaatta gtcagccatg gggcggagaa tgggcggaac	120
tgggcggagt taggggcggg atgggcggag ttaggggcgg gactatggtt gctgactaat	180
tgagatgcat gctttgcata cttctgcctg ctggggagcc tggggacttt ccacacctgg	240
ttgctgacta attgagatgc atgctttgca tacttctgcc tgctggggag cctggggact	300
ttccacaccg gatccaccat gggttcagct attgagcagg atgggttgca tgctggtagt	360
cccgccgcat gggtcgaacg actgtttgga tacgattggg cccaacagac tataggctgt	420
tecgaegetg etgtettteg tetttetgea caaggtegte eagttetgtt egtgaaaace	480
gacttgtccg gagccctcaa tgagttgcaa gacgaagctg cacgactgag ttggcttgcc	540
accactggtg teccatgtge egeagtactt gaegtegtea cagaggetgg tegegattgg	600
ttgctccttg gagaagtgcc cggccaagat cttctcagtt cccaccttgc ccctgccgaa	660
aaagtttcaa taatggctga cgctatgaga aggctgcaca cccttgaccc tgccacatgt	720
ccattcgatc accaagccaa acaccgaatt gaacgagcta gaacccgcat ggaagccggc	780
ctcgttgatc aagacgattt ggatgaggaa caccagggtc tcgcacccgc tgaactcttc	840
gctcgcctca aagcacgaat gccagacgga gatgacttgg tcgtaaccca cggagatgcc	900
tgccttccta acataatggt agagaatgga agatttagcg gcttcattga ttgtggacga	960
cttggagttg cagatcggta ccaagatatc gctctcgcta ccagagatat tgctgaagaa	1020
ttgggcggag aatgggctga tcggtttctc gtactctacg gaattgccgc acctgattcc	1080

caacgcattg	ctttttaccg	tcttctggat	gagttcttct	aaacgcgtcc	ccctctccc	1140
tccccccc	ctaacgttac	tggccgaagc	cgcttggaat	aaggccggtg	tgcgtttgtc	1200
tatatgttat	tttccaccat	attgccgtct	tttggcaatg	tgagggcccg	gaaacctggc	1260
cctgtcttct	tgacgagcat	tcctaggggt	ctttcccctc	tcgccaaagg	aatgcaaggt	1320
ctgttgaatg	tcgtgaagga	agcagttcct	ctggaagctt	cttgaagaca	aacaacgtct	1380
gt agcgaccc	tttgcaggca	gcggaacccc	ccacctggcg	acaggtgcct	ctgcggccaa	1440
aagccacgtg	tataagatac	acctgcaaag	gcggcacaac	cccagtgcca	cgttgtgagt	1500
tggatagttg	tggaaagagt	caaatggctc	tcctcaagcg	tattcaacaa	ggggctgaag	1560
gatgcccaga	aggtacccca	ttgtatggga	tctgatctgg	ggcctcggtg	cacatgcttt	1620
acatgtgttt	agtcgaggtt	aaaaaacgtc	taggcccccc	gaaccacggg	gacgtggttt	1680
tcctttgaaa	aacacgattg	ctcgaatcac	catggtgagc	aagggcgagg	agctgttcac	1740
cggggtggtg	cccatcctgg	tcgagctgga	cggcgacgta	aacggccaca	agttcagcgt	1800
gtccggcgag	ggcgagggcg	atgccaccta	cggcaagctg	accctgaagt	tcatctgcac	1860
caccggcaag	ctgcccgtgc	cctggcccac	cctcgtgacc	accttcggct	acggcctgca	1920
gtgcttcgcc	cgctaccccg	accacatgaa	gcagcacgac	ttcttcaagt	ccgccatgcc	1980
cgaaggctac	gtccaggagc	gcaccatctt	cttcaaggac	gacggcaact	acaagacccg	2040
cgccgaggtg	aagttcgagg	gcgacaccct	ggtgaaccgc	atcgagctga	agggcatcga	2100
cttcaaggag	gacggcaaca	tcctggggca	caagctggag	tacaactaca	acagccacaa	2160
cgtctatatc	atggccgaca	agcagaagaa	cggcatcaag	gtgaacttca	agatccgcca	2220
caacatcgag	gacggcagcg	tgcagctcgc	cgaccactac	cagcagaaca	ccccatcgg	2280
cgacggcccc	gtgctgctgc	ccgacaacca	ctacctgagc	taccagtccg	ccctgagcaa	2340
agaccccaac	gagaagcgcg	atcacatggt	cctgctggag	ttcgtgaccg	ccgccgggat	2400
cactctcggc	atggacgagc	tgtacaagta	atcggccgct	aatcagccat	accacatttg	2460
			cacacctccc			2520
			ttgcagctta			2580
			ttttttcact			2640
	caatgtatct				-	2669
	-	-				

<210> 25

<211> 3003

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220><223> synthetic

<400> 25

gttgacattg	attattgact	agttattaat	agtaatcaat	tacggggtca	ttagttcata	60
gcccatatat	ggagttccgc	gttacataac	ttacggtaaa	tggcccgcct	ggctgaccgc	120
ccaacgaccc	ccgcccattg	acgtcaataa	tgacgtatgt	tcccatagta	acgccaatag	180
ggactttcca	ttgacgtcaa	tgggtggagt	atttacggta	aactgcccac	ttggcagtac	240
atcaagtgta	tcatatgcca	agtacgcccc	ctattgacgt	caatgacggt	aaatggcccg	300
cctggcatta	tgcccagtac	atgaccttat	gggactttcc	tacttggcag	tacatctacg	360
tattagtcat	cgctattacc	atggtgatgc	ggttttggca	gtacatcaat	gggcgtggat	420
agcggtttga	ctcacgggga	tttccaagtc	tccaccccat	tgacgtcaat	gggagtttgt	480
tttggcacca	aaatcaacgg	gactttccaa	aatgtcgtaa	caactccgcc	ccattgacgc	540
aaatgggcgg	taggcgtgta	cggt gggagg	tctatataag	cagagctctc	cctatcagtg	600
atagagatct	ccctatcagt	gatagagatc	gtcgacgttt	agtgaaccgt	cagatcgcct	660
ggagacgcca	tccacgctgt	tttgacctcc	at agaagaca	ccgggaccga	tccagcctcc	720
gcggccggga	acggtgcatt	ggaacgcgga	ttccccgtgc	caagagt gac	gtaagtaccg	780
cctatagagt	ctataggccc	accccttgg	cttcttatgc	atgctatact	gtttttggct	840
tggggtctat	acacccccgc	ttcctcatgt	tataggtgat	ggtatagctt	agcctatagg	900
tgtgggttat	tgaccattat	tgaccactcc	cctattggtg	acgatacttt	ccattactaa	960
tccataacat	ggctctttgc	cacaactctc	tttattggct	atatgccaat	acactgtcct	1020
tcagagactg	acacggactc	tgtatttta	caggatgggg	tctcatttat	tatttacaaa	1080
ttcacatata	caacaccacc	gtccccagtg	cccgcagttt	ttattaaaca	taacgtggga	1140
tctccacgcg	aatctcgggt	acgtgttccg	gacatggtct	cttctccggt	agcggcggag	1200
cttctacatc	cgagccctgc	teccatgeet	ccagcgactc	atggtcgctc	ggcagctcct	1260
	agtggaggcc					1320
	cgtggcggta					1380
	atttggaaga					1440
	ataagagtca					1500
	agcagtactc					1560
	gttcctttcc					1620
ciaacagaci	5110011100	uigggillil	iciguagica	cegiceiiga	cacgaagett	1020
	tctagattgg					1680
gacctagacg	tcgtggaact	cgtccacctc	cactggcact	gctcgctgct	ctcctcctgg	1740

ctgcacgtgg	tgctgatgca	caagtacaac	tgcaacaaag	cggagctgaa	ctggccaaac	1800
caggcgcttc	cgtgaagatg	tcttgtaaag	ccagcgggta	tacatttact	aattactgga	1860
ttcactggga	gaagcaaaga	cctgaacagg	gattggaatg	gattggatac	attaatccta	1920
acaccggaca	cacagagtat	aat caaaaat	tcaaggataa	ggccaccctc	acagccgaca	1980
gatcttcttc	aaccgcctat	atgcaacttt	cttccctcac	ttctgaagac	tccgcagttt	2040
acttttgcgc	acgaacttat	tctggaagct	cccatttcga	ctactggggt	caaggaacaa	2100
cactgatcgt	gtctagcggc	ggcggagggt	ccggcggggg	cggtagcggt	ggcggaggtt	2160
ctgatattgt	catgactcaa	acacctgtct	ctctgcctgt	ttcacttgga	gatcaagcta	2220
gcatttcctg	ccgctctagt	caatctctcg	tccacaacaa	cggcgatact	ttcttgcatt	2280
ggtatctgca	gaaaccaggt	cagtcaccta	aactgcttat	atacaaagtc	tctaatagat	2340
tctcaggggt	gccagatcga	ttcagtggtt	ctgggtccgg	tacagatttt	acactcaaga	2400
tatccagagt	agaagcagaa	gatctgggcg	tgtatttctg	cagtcaaaca	acacttattc	2460
ctcgtacttt	tggaggcggt	acaaaactgg	agatcaagcg	tggaggcgga	gggagtgttt	2520
tgttttatct						2580
ggaaggaact						2640
aaaaaaaagt						2700
aagagcaaaa						2760
cataggcggc						2820
ctcccacacc						2880
tttattgeag	cttataat gg	ttacaaataa	ageantagen	tenenanttt	cacaaataaa	2940
tttattgcag						3000
gcattttttt	cacigcaiic	tagitgiggi	rigiccaaac	tcatcaatgt	attitattat	
gt c <210> 26						3003
<211> 208						
<211> 200 <212> PRT						
	sapiens					
<400> 26	2011/119					
Val Phe Leu	Phe Pro Pr	o Ive Pro I	vs Asn Thr	Leu Met II.	ser Arg	
1	5	O LyS 110 1	10	Dea met 116	15	
Thr Pro Glu		vs Val Val V		Ser Gln Gl		
im iio ulu	20		25	30	. 110p 110	
	20	2		50		

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala 40 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val 55 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr 70 75 65 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr 85 90 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu 105 Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys 115 120 125 Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser 130 135 140 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp 145 150 155 160 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser 170 Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala 180 185 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys 200 195 205 <210> 27 <211> 8 <212> PRT <213> Homo sapiens <400> 27 Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Trp 1 <210> 28 <211> 8

<212> PRT

```
<213> Homo sapiens
<400> 28
Ile Asn Pro Asn Thr Gly His Thr
<210> 29
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens
Cys Ala Arg Thr Tyr Ser Gly Ser Ser His Phe Asp Tyr
1 5
                              10
<210> 30
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 30
Ser Leu Val His Asn Asn Gly Asp Thr Phe
1 5
                              10
<210> 31
<211> 9
<212> PRT
<213
> Homo sapiens
<400> 31
Ser Gln Thr Thr Leu Ile Pro Arg Thr
<210> 32
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 32
Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala Trp
<210> 33
<211> 10
```

```
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 33
Ile Leu Ser Lys Thr Asp Gly Gly Thr Thr
1 5
                             10
<210> 34
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 34
Thr Thr Ala Asp Phe Trp Ser Ala Tyr Ser Ser Asp Tyr
1 5
                             10
<210> 35
<211> 4
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 35
Gln Ser Leu Leu
1
<210> 36
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 36
His Ser Asn Gly Tyr Asn Tyr
1 5
<210> 37
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 37
Met Gln Gly Leu Gln Thr Pro Tyr Thr
<210> 38
```

```
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 38
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ala Ile Val Lys Pro Gly Gly
1
               5
                                   10
                                                       15
Ser His Arg Val Ser Cys Glu Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala
           20
                               25
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
                           40
Gly Arg Ile Leu Ser Lys Thr Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Ala
   50
                       55
Pro Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Met
65
                   70
                                       75
Leu Phe Leu Gln Met Asp Ser Leu Lys Ile Glu Asp Thr Ala Val Tyr
                                   90
Phe Cys Thr Thr Ala Asp Phe Trp Ser Ala Tyr Ser Ser Asp Tyr Trp
                               105
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
       115
                           120
<210> 39
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 39
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
                                   10
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
           20
                               25
Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
```

<211> 122

55 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile 65 70 75 80 Ser Arg Met Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Leu Gln Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys 100 105 <210> 40 <211> 452 <212> PRT <213> Homo sapiens <400> 40 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ala Ile Val Lys Pro Gly Gly 1 10 15 Ser His Arg Val Ser Cys Glu Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala 25 Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val 40 Gly Arg Ile Leu Ser Lys Thr Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Ala 50 55 Pro Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Met 65 70 75 80 Leu Phe Leu Gln Met Asp Ser Leu Lys Ile Glu Asp Thr Ala Val Tyr 90 Phe Cys Thr Thr Ala Asp Phe Trp Ser Ala Tyr Ser Ser Asp Tyr Trp 105 Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Lys Thr Thr Ala Pro 125 115 120 Ser Val Tyr Pro Leu Ala Pro Val Cys Gly Asp Thr Thr Gly Ser Ser

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

135

130

140

145					150					155					160
Leu	Thr	Trp	Asn	Ser	Gly	Ser	Leu	Ser	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro
				165					170					175	
Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Asp	Leu	Tyr	Thr	Leu	Ser	Ser	Ser	Val	Thr	Val
			180					185					190		
Thr	Ser	Ser	Thr	Trp	Pro	Ser	Gln	Ser	Ile	Thr	Cys	Asn	Val	Ala	His
		195					200					205			
Pro	Ala	Ser	Ser	Thr	Lvs	Val	Asp	Lvs	Lvs	Ile	Glu	Pro	Arg	Glv	Pro
	210				J	215	•	J	5		220		Ü	J	
Thr		Lvs	Pro	Cvs	Pro		Cvs	Lvs	Cvs	Pro		Pro	Asn	Leu	Leu
225		J		,	230		J	J	5	235					240
	Gly	Pro	Ser	Val		Ile	Phe	Pro	Pro		Ile	Lvs	Asp	Val	
·	·			245					250			·	•	255	
Met	Ile	Ser	Leu	Ser	Pro	Ile	Val	Thr		Val	Val	Val	Asp		Ser
			260					265	•				270		
C1	Λ	۸	D., -	Λ	W - 1	C1	T1-	C	Т	DI	W - 1	۸	Λ	W - 1	C1
GIU	ASP		Pro	ASP	vai	GIII		ser	1rp	rne	vai		ASII	vai	GIU
W - 1	п: -	275	A 1 -	C1	ТЪ	C1	280	п: -	Λ	C1	۸	285	Λ	C	ть
vai		ınr	Ala	GIN	Inr		ınr	HIS	Arg	GIU		lyr	Asn	ser	ınr
,	290	77 1	77 1	0	A 1	295	D	T 1	01		300	Λ.	т.	W .	0
	Arg	Val	Val	Ser		Leu	Pro	He	GIN		GIN	Asp	Irp	Met	
305		01	DI		310	,	77 1			315	Λ.	,	D	A 1	320 D
Gly	Lys	Glu	Phe		Cys	Lys	Val	Asn		Lys	Asp	Leu	Pro		Pro
				325					330					335	
Ile	Glu	Arg	Thr	Ile	Ser	Lys	Pro	Lys	Gly	Ser	Val	Arg	Ala	Pro	Gln
			340					345					350		
Val	Tyr	Val	Leu	Pro	Pro	Pro	Glu	Glu	Glu	Met	Thr	Lys	Lys	Gln	Val
		355					360					365			
Thr	Leu	Thr	Cys	Met	Val	Thr	Asp	Phe	Met	Pro	Glu	Asp	Ile	Tyr	Val
	370					375					380				
Glu	Trp	Thr	Asn	Asn	Gly	Lys	Thr	Glu	Leu	Asn	Tyr	Lys	Asn	Thr	Glu
385					390					395					400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Met Tyr Ser Lys Leu Arg 410 Val Glu Lys Lys Asn Trp Val Glu Arg Asn Ser Tyr Ser Cys Ser Val 425 Val His Glu Gly Leu His Asn His His Thr Thr Lys Ser Phe Ser Arg 435 440 445 Thr Pro Gly Lys 450 <210> 41 <211> 219 <212> PRT <213> Homo sapiens <400> 41 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly 10 Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser 25 Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser 35 40 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro 50 55 60 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile 65 70 Ser Arg Met Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly 90 Leu Gln Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys 100 105 110 Arg Ala Asp Ala Ala Pro Thr Val Ser Ile Phe Pro Pro Ser Ser Glu 115 120 Gln Leu Thr Ser Gly Gly Ala Ser Val Val Cys Phe Leu Asn Asn Phe 135 140 Tyr Pro Lys Asp Ile Asn Val Lys Trp Lys Ile Asp Gly Ser Glu Arg

150 155 Gln Asn Gly Val Leu Asn Ser Trp Thr Asp Gln Asp Ser Lys Asp Ser 170 Thr Tyr Ser Met Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Lys Asp Glu Tyr Glu 180 185 190 Arg His Asn Ser Tyr Thr Cys Glu Ala Thr His Lys Thr Ser Thr Ser 195 200 205 Pro Ile Val Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys 210 215 <210> 42 <211> 256 <212> PRT <213> Homo sapiens <400> 42 Met Val Ser Tyr Trp Asp Thr Gly Val Leu Leu Cys Ala Leu Leu Ser Cys Leu Leu Thr Gly Ser Ser Ser Gly Gly Pro Gly Asp Lys Thr 25 His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser 35 40 45 Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg 55 Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala 90 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val 100 105 110 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr 120 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr 135

Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu 150 155 Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys 165 170 175 Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser 180 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp 195 200 205 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser 215 Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala 225 230 235 240 Leu His Asn Arg Phe Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys 245 250 255 <210> 43 <211> 336 <212> PRT <213> Artificial sequence <220><223> synthetic <400> 43 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ala Ile Val Lys Pro Gly Gly 10 5 Ser His Arg Val Ser Cys Glu Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala 25 Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Leu Ser Lys Thr Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Ala 50 55 60 Pro Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Met 65

Leu Phe Leu Gln Met Asp Ser Leu Lys Ile Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

 Val
 Gly
 Val
 Tyr
 Cys
 Met
 Gln
 Gly
 Leu
 Gln
 Thr
 Pro
 Tyr
 Thr
 Phe

 225
 230
 230
 235
 235
 240
 240

 Gly
 Gln
 Gly
 Gly
 Gly
 Gly
 Gly
 Gly
 Gly
 Gly
 Leu
 Leu

 Phe
 Tyr
 Leu
 Ala
 Val
 Gly
 Ile
 Met
 Phe
 Leu
 Val
 Asn
 Thr
 Val
 Leu
 Trp

 Val
 Thr
 Ile
 Arg
 Lys
 Arg
 Lys
 Lys
 Lys
 Leu
 Glu

 Val
 Thr
 Ile
 Arg
 Lys
 Lys
 Lys
 Lys
 Leu
 Glu

 11e Ser Leu Asp Ser Gly His Glu Lys Lys Val
 Thr Ser Ser Leu Gln

 290
 295
 300

 Glu Asp Arg His Leu Glu Glu Glu Leu Lys Cys Gln Glu Gln Lys Glu
 305
 310

 305 Glu Gln Leu Gln Glu Gly Val His Arg Lys Glu Pro Gln Gly Ala Thr
 325

 330 330
 335

<211> 7633 <212> DNA <213> Artificial sequence <220><223> synthetic <400> 44 60 aagettatac tegageteta gattgggaac eegggtetet egaattegag ateteeacea tgcacagacc tagacgtcgt ggaactcgtc cacctccact ggcactgctc gctgctctcc 120 tcctggctgc acgtggtgct gatgcagagg tgcagctggt ggagtctggg ggagccatag 180 240 taaagccggg ggggtcccat agagtctcct gtgaagcctc tggattcact ttcagtaacg 300 cctggatgag ttgggtccgc caggctccag ggagggggct ggagtgggtt ggccgtattt taagcaagac tgatggtggg acgacagact acgctgcacc cgtgaaagac agattcacca 360 tttcaagaga tgattctaaa aatatgttgt ttctgcaaat ggacagcctg aaaatcgagg 420 acacagecgt gtatttctgt accaeggeeg atttttggag tgettattet tetgactaet 480 ggggccaggg aaccctggtc accgtctcct caggaggtgg aggttccggg ggcgggggct 540 ccggcggagg tggatcagat attgtgatga ctcagtctcc actctccctg cccgtcaccc 600 660 ctggagagcc ggcctccatc tcctgcaggt ctagtcagag cctcctgcat agtaatgggt 720 acaactattt ggattggtac ctacagaagc cagggcagtc tccacaactc ctgatctatt 780 tgggttctaa tcgggcctcc ggggtccctg acaggttcag tggcagtgga tcaggcacag 840 attttacact gaaaatcagc agaatggagg ctgaggatgt tggggtttat tactgcatgc aaggtctaca aactccgtac acttttggcc aggggaccaa gctggagatc aaaggaggcg 900 gagggagtgt tttgttttat ctggccgttg ggataatgtt tctcgtaaat acagtacttt 960 gggtaacaat aaggaaggaa ctgaagagaa agaaaaaatg ggatctggaa atatcattgg 1020 acagtggaca cgaaaaaaaa gtcacatcat cattgcaaga agaccggcac ttggaggagg 1080 1140 aactgaaatg tcaagagcaa aaagaagaac aactgcaaga aggcgtacat agaaaagaac cacagggagc aacataggcg gccgctaatc agccatacca catttgtaga ggttttactt 1200 gctttaaaaa acctcccaca cctcccctg aacctgaaac ataaaatgaa tgcaattgtt 1260 gttgttaact tgtttattgc agcttataat ggttacaaat aaagcaatag catcacaaat 1320 ttcacaaata aagcattttt ttcactgcat tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat 1380 gtatcttatc atgtctaccg gtataacttc gtataatgta tactatacga agttagccgg 1440 tagggcccct ctcttcatgt gagcaaaagg ccagcaaaag gccaggaacc gtaaaaaggc 1500

<210> 44

cgcgttgctg gcgtttttcc	ataggctccg	ccccctgac	gagcatcaca	aaaat cgacg	1560
ctcaagtcag aggtggcgaa	acccgacagg	actataaaga	taccaggcgt	ttcccctgg	1620
aagctccctc gtgcgctctc	ctgttccgac	cctgccgctt	accggatacc	tgtccgcctt	1680
tctcccttcg ggaagcgtgg	cgctttctca	tagctcacgc	tgtaggtatc	tcagttcggt	1740
gtaggtcgtt cgctccaagc	tgggctgtgt	gcacgaaccc	cccgttcagc	ccgaccgctg	1800
cgccttatcc ggtaactatc	gtcttgagtc	caacccggta	agacacgact	tatcgccact	1860
ggcagcagcc actggtaaca	ggattagcag	agcgaggtat	gtaggcggtg	ctacagagtt	1920
cttgaagtgg tggcctaact	acggctacac	tagaagaaca	gtatttggta	tctgcgctct	1980
gctgaagcca gttaccttcg	gaaaaagagt	tggtagctct	tgatccggca	aacaaaccac	2040
cgctggtagc ggtggttttt	ttgtttgcaa	gcagcagatt	acgcgcagaa	aaaaaggatc	2100
tcaagaagat cctttgatct	tttctacggg	gtctgacgct	cagtggaacg	aaaactcacg	2160
ttaagggatt ttggtcatgg	gcgcgcctca	tactcctgca	ggcatgagat	tatcaaaaag	2220
gatetteace tagateettt					2280
tgagtaaact tggtctgaca					2340
ctgtctattt cgttcatcca					2400
ggagggetta ceatetggee					2460
tccagattta tcagcaataa					2520
aactttatcc gcctccatcc					2580
gaangt toot og tit gagan	nagt tat tan	anttgatage	ggaat agt gg	t at apparat a	2640
gccagttaat agtttgcgca					2700
gtcgtttggt atggcttcat ccccatgttg tgcaaaaaag					2760
					2820
gttggccgca gtgttatcac gccatccgta agatgctttt					2880
gtgtatgcgg cgaccgagtt					2940
tagcagaact ttaaaagtgc					3000
tagtagaati itaaaagigt	icaicaiigg	aaaacgiici	reggggegaa	adcicicadg	5000
gatcttaccg ctgttgagat					3060
agcatctttt actttcacca					3120
aaaaaaggga ataagggcga					3180
ttattgaagc atttatcagg					3240
gaaaaataaa caaatagggg					3300
gtacacaact tcgtatagca	tacattatac	gaagttatgg	taccaagcct	aggcctccaa	3360

aaaagcctcc tcactacttc tggaatagct cagaggcaga ggcggcctcg gcctctgcat 3420 3480 aaataaaaaa aattagtcag ccatggggcg gagaatgggc ggaactgggc ggagttaggg gcgggatggg cggagttagg ggcgggacta tggttgctga ctaattgaga tgcatgcttt 3540 3600 gcatacttct gcctgctggg gagcctgggg actttccaca cctggttgct gactaattga gatgeatget ttgeatactt etgeetgetg gggageetgg ggaettteea eaeeggatee 3660 3720 accatgggtt cagctattga gcaggatggg ttgcatgctg gtagtcccgc cgcatgggtc gaacgactgt ttggatacga ttgggcccaa cagactatag gctgttccga cgctgctgtc 3780 tttcgtcttt ctgcacaagg tcgtccagtt ctgttcgtga aaaccgactt gtccggagcc 3840 3900 ctcaatgagt tgcaagacga agctgcacga ctgagttggc ttgccaccac tggtgtccca 3960 tgtgccgcag tacttgacgt cgtcacagag gctggtcgcg attggttgct ccttggagaa gtgcccggcc aagatcttct cagttcccac cttgcccctg ccgaaaaagt ttcaataatg 4020 gctgacgcta tgagaaggct gcacaccctt gaccctgcca catgtccatt cgatcaccaa 4080 4140 gccaaacacc gaattgaacg agctagaacc cgcatggaag ccggcctcgt tgatcaagac gatttggatg aggaacacca gggtctcgca cccgctgaac tcttcgctcg cctcaaagca 4200 cgaatgccag acggagatga cttggtcgta acccacggag atgcctgcct tcctaacata 4260 atggtagaga atggaagatt tagcggcttc attgattgtg gacgacttgg agttgcagat 4320 4380 cggtaccaag atatcgctct cgctaccaga gatattgctg aagaattggg cggagaatgg gctgatcggt ttctcgtact ctacggaatt gccgcacctg attcccaacg cattgctttt 4440 4500 taccgtcttc tggatgagtt cttctaaacg cgtccccct ctccctcccc ccccctaac 4560 gttactggcc gaagccgctt ggaataaggc cggtgtgcgt ttgtctatat gttattttcc 4620 accatattgc cgtcttttgg caatgtgagg gcccggaaac ctggccctgt cttcttgacg agcattecta ggggtettte eectetegee aaaggaatge aaggtetgtt gaatgtegtg 4680 4740 aaggaagcag ttcctctgga agcttcttga agacaaacaa cgtctgtagc gaccctttgc 4800 aggcagcgga acccccacc tggcgacagg tgcctctgcg gccaaaagcc acgtgtataa 4860 gatacacctg caaaggcggc acaaccccag tgccacgttg tgagttggat agttgtggaa agagtcaaat ggctctcctc aagcgtattc aacaaggggc tgaaggatgc ccagaaggta 4920 ccccattgta tgggatctga tctggggcct cggtgcacat gctttacatg tgtttagtcg 4980 aggttaaaaa acgtctaggc cccccgaacc acggggacgt ggttttcctt tgaaaaacac 5040 5100 gattgctcga atcaccatgg tgagcaaggg cgaggagctg ttcaccgggg tggtgcccat

cctggtcgag ctggacggcg acgtaaacgg ccacaagttc agcgtgtccg gcgagggcga 5160 5220 gggcgatgcc acctacggca agctgaccct gaagttcatc tgcaccaccg gcaagctgcc 5280 cgtgccctgg cccacctcg tgaccacctt cggctacggc ctgcagtgct tcgcccgcta 5340 cccegaceac atgaagcagc acgacttctt caagtccgcc atgcccgaag gctacgtcca 5400 ggagcgcacc atcttcttca aggacgacgg caactacaag acccgcgccg aggtgaagtt cgagggcgac accctggtga accgcatcga gctgaagggc atcgacttca aggaggacgg 5460 caacateetg gggcacaage tggagtacaa etacaacage cacaacgtet atateatgge 5520 cgacaagcag aagaacggca tcaaggtgaa cttcaagatc cgccacaaca tcgaggacgg 5580 cagcgtgcag ctcgccgacc actaccagca gaacaccccc atcggcgacg gccccgtgct 5640 5700 gctgcccgac aaccactacc tgagctacca gtccgccctg agcaaagacc ccaacgagaa 5760 gegegateae atggteetge tggagttegt gaeegeegee gggateaete teggeatgga cgagctgtac aagtaatcgg ccgctaatca gccataccac atttgtagag gttttacttg 5820 5880 ctttaaaaaa cctcccacac ctcccctga acctgaaaca taaaatgaat gcaattgttg ttgttaactt gtttattgca gcttataatg gttacaaata aagcaatagc atcacaaatt 5940 tcacaaataa agcattttt tcactgcatt ctagttgtgg tttgtccaaa ctcatcaatg 6000 tatcttatca tgtcggcgcg ttgacattga ttattgacta gttattaata gtaatcaatt 6060 6120 acggggtcat tagttcatag cccatatatg gagttccgcg ttacataact tacggtaaat 6180 ggcccgcctg gctgaccgcc caacgacccc cgcccattga cgtcaataat gacgtatgtt cccatagtaa cgccaatagg gactttccat tgacgtcaat gggtggagta tttacggtaa 6240 6300 actgcccact tggcagtaca tcaagtgtat catatgccaa gtacgccccc tattgacgtc aatgacggta aatggcccgc ctggcattat gcccagtaca tgaccttatg ggactttcct 6360 acttggcagt acatctacgt attagtcatc gctattacca tggtgatgcg gttttggcag 6420 6480 tacatcaatg ggcgtggata gcggtttgac tcacggggat ttccaagtct ccaccccatt gacgtcaatg ggagtttgtt ttggcaccaa aatcaacggg actttccaaa atgtcgtaac 6540 6600 aactccgccc cattgacgca aatgggcggt aggcgtgtac ggtgggaggt ctatataagc 6660 agagetetee etateagtga tagagatete eetateagtg atagagateg tegaegttta 6720 gtgaaccgtc agatcgcctg gagacgccat ccacgctgtt ttgacctcca tagaagacac 6780 cgggaccgat ccagcctccg cggccgggaa cggtgcattg gaacgcggat tccccgtgcc aagagtgacg taagtaccgc ctatagagtc tataggccca cccccttggc ttcttatgca 6840 tgctatactg tttttggctt ggggtctata cacccccgct tcctcatgtt ataggtgatg 6900 gtatagctta gcctataggt gtgggttatt gaccattatt gaccactccc ctattggtga 6960

cgatactttc cattactaat ccataacatg gctctttgcc acaactctct ttattggcta	7020
tatgccaata cactgtcctt cagagactga cacggactct gtatttttac aggatggggt	7080
ctcatttatt atttacaaat tcacatatac aacaccaccg tccccagtgc ccgcagtttt	7140
tattaaacat aacgtgggat ctccacgcga atctcgggta cgtgttccgg acatggtctc	7200
ttctccggta gcggcggagc ttctacatcc gagccctgct cccatgcctc cagcgactca	7260
tggtcgctcg gcagctcctt gctcctaaca gtggaggcca gacttaggca cagcacgatg	7320
cccaccacca ccagtgtgcc gcacaaggcc gtggcggtag ggtatgtgtc tgaaaatgag	7380
ctcggggagc gggcttgcac cgctgacgca tttggaagac ttaaggcagc ggcagaagaa	7440
gatgcaggca gctgagttgt tgtgttctga taagagtcag aggtaactcc cgttgcggtg	7500
ctgttaacgg tggagggcag tgtagtctga gcagtactcg ttgctgccgc gcgcgccacc	7560
agacataata gctgacagac taacagactg ttcctttcca tgggtctttt ctgcagtcac	7620
cgtccttgac acg	7633
<210> 45	
<211> 1011	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 45	
gaggtgcagc tggtggagtc tggggggagcc atagtaaagc cgggggggtc ccatagagtc	60
teetgtgaag eetetggatt eactiteagt aacgeetgga tgagttgggt eegeeagget	120
ccagggaggg ggctggagtg ggttggccgt attttaagca agactgatgg tgggacgaca	180
gactacgctg cacccgtgaa agacagattc accatttcaa gagatgattc taaaaatatg	240
ttgtttctgc aaatggacag cctgaaaatc gaggacacag ccgtgtattt ctgtaccacg	300
gccgattttt ggagtgctta ttcttctgac tactggggcc agggaaccct ggtcaccgtc	360
tectcaggag gtggaggtte egggggeggg ggeteeggeg gaggtggate agatattgtg	420
atgactcagt etecactete cetgecegte acceetggag ageeggeete eateteetge	480
aggictagic agagectect geatagiaat gggiacaact attiggatig giacetacag	540
aagccagggc agtctccaca actcctgatc tatttgggtt ctaatcgggc ctccggggtc	600
cctgacaggt tcagtggcag tggatcaggc acagatttta cactgaaaat cagcagaatg	660
gaggctgagg atgttggggt ttattactgc atgcaaggtc tacaaactcc gtacactttt	720
ggccagggga ccaagctgga gatcaaagga ggcggaggga gtgttttgtt ttatctggcc	780
1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	

gttgggataa tgtttctcgt	aaatacagta	ctttgggtaa	caataaggaa	ggaactgaag	840
agaaagaaaa aatgggatct	ggaaatatca	ttggacagtg	gacacgaaaa	aaaagtcaca	900
tcatcattgc aagaagaccg	gcacttggag	gaggaactga	aatgtcaaga	gcaaaaagaa	960
gaacaactgc aagaaggcgt	acatagaaaa	gaaccacagg	gagcaacata	g	1011
<210> 46					
<211> 2669					
<212> DNA					
<213> Artificial seq	uence				
<220><223> synthetic					
<400> 46					
agcctaggcc tccaaaaaaag	cctcctcact	acttctggaa	tagctcagag	gcagaggcgg	60
cctcggcctc tgcataaata	aaaaaaatta	gtcagccatg	gggcggagaa	tgggcggaac	120
tgggcggagt taggggcggg	atgggcggag	ttaggggcgg	gactatggtt	gctgactaat	180
tgagatgcat gctttgcata	cttctgcctg	ctggggagcc	tggggacttt	ccacacctgg	240
ttgctgacta attgagatgc	atgctttgca	tacttctgcc	tgctggggag	cctggggact	300
ttccacaccg gatccaccat	gggttcagct	attgagcagg	atgggttgca	tgctggtagt	360
cccgccgcat gggtcgaacg	actgtttgga	tacgattggg	cccaacagac	tataggctgt	420
tccgacgctg ctgtctttcg	tctttctgca	caaggtcgtc	cagttctgtt	cgtgaaaacc	480
gacttgtccg gagccctcaa	tgagttgcaa	gacgaagctg	cacgactgag	ttggcttgcc	540
accactggtg tcccatgtgc					600
ttgctccttg gagaagtgcc					660
aaagtttcaa taatggctga	cgctatgaga	aggctgcaca	cccttgaccc	tgccacatgt	720
ccattcgatc accaagccaa					780
ctcgttgatc aagacgattt	ggatgaggaa	caccagggtc	tcgcacccgc	tgaactcttc	840
gctcgcctca aagcacgaat	gccagacgga	gatgacttgg	tcgtaaccca	cggagatgcc	900
tgccttccta acataatggt	ananaat maa	agatttaggg	actteattaa	ttataacaa	960
					1020
cttggagttg cagatcggta					1020
ttgggcggag aatgggctga					1140
caacgcattg ctttttaccg tcccccccc ctaacgttac					1200
					1260
tatatgttat tttccaccat	arrgccgrcl	rriggcaarg	rgagggcccg	gaaacciggc	1200

1320

1380 ctgttgaatg tcgtgaagga agcagttcct ctggaagctt cttgaagaca aacaacgtct gtagcgaccc tttgcaggca gcggaacccc ccacctggcg acaggtgcct ctgcggccaa 1440 1500 aagccacgtg tataagatac acctgcaaag gcggcacaac cccagtgcca cgttgtgagt tggatagttg tggaaagagt caaatggctc tcctcaagcg tattcaacaa ggggctgaag 1560 1620 gatgcccaga aggtacccca ttgtatggga tctgatctgg ggcctcggtg cacatgcttt 1680 acatgtgttt agtcgaggtt aaaaaacgtc taggcccccc gaaccacggg gacgtggttt tcctttgaaa aacacgattg ctcgaatcac catggtgagc aagggcgagg agctgttcac 1740 1800 cggggtggtg cccatcctgg tcgagctgga cggcgacgta aacggccaca agttcagcgt 1860 gtccggcgag ggcgagggcg atgccaccta cggcaagctg accctgaagt tcatctgcac 1920 caccggcaag ctgcccgtgc cctggcccac cctcgtgacc accttcggct acggcctgca gtgcttcgcc cgctaccccg accacatgaa gcagcacgac ttcttcaagt ccgccatgcc 1980 2040 cgaaggctac gtccaggagc gcaccatctt cttcaaggac gacggcaact acaagacccg cgccgaggtg aagttcgagg gcgacaccct ggtgaaccgc atcgagctga agggcatcga 2100 cttcaaggag gacggcaaca tcctggggca caagctggag tacaactaca acagccacaa 2160 2220 cgtctatatc atggccgaca agcagaagaa cggcatcaag gtgaacttca agatccgcca 2280 caacategag gaeggeageg tgeagetege egaceaetae eageagaaca ecceeategg cgacggcccc gtgctgctgc ccgacaacca ctacctgagc taccagtccg ccctgagcaa 2340 2400 agaccccaac gagaagcgcg atcacatggt cctgctggag ttcgtgaccg ccgccgggat 2460 cactctcggc atggacgagc tgtacaagta atcggccgct aatcagccat accacatttg 2520 tagaggtttt acttgcttta aaaaacctcc cacacctccc cctgaacctg aaacataaaa tgaatgcaat tgttgttgtt aacttgttta ttgcagctta taatggttac aaataaagca 2580 atagcatcac aaatttcaca aataaagcat ttttttcact gcattctagt tgtggtttgt 2640 2669 ccaaactcat caatgtatct tatcatgtc <210> 47 <211> 2992 <212> DNA <213> Artificial sequence <220><223> synthetic <400> 47 gttgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat tacggggtca ttagttcata 60

cctgtcttct tgacgagcat tcctaggggt ctttcccctc tcgccaaagg aatgcaaggt

gcccatatat	ggagttccgc	gttacataac	ttacggtaaa	tggcccgcct	ggctgaccgc	120
ccaacgaccc	ccgcccattg	acgtcaataa	tgacgtatgt	tcccatagta	acgccaatag	180
ggactttcca	ttgacgtcaa	tgggtggagt	atttacggta	aactgcccac	ttggcagtac	240
atcaagtgta	tcatatgcca	agtacgcccc	ctattgacgt	caatgacggt	aaatggcccg	300
cctggcatta	tgcccagtac	atgaccttat	gggactttcc	tacttggcag	tacatctacg	360
tattagtcat	cgctattacc	atggtgatgc	ggttttggca	gtacatcaat	gggcgtggat	420
agcggtttga	ctcacgggga	tttccaagtc	tccaccccat	tgacgtcaat	gggagtttgt	480
tttggcacca	aaatcaacgg	gactttccaa	aatgtcgtaa	caactccgcc	ccattgacgc	540
aaatgggcgg	taggcgtgta	cggtgggagg	tctatataag	cagagctctc	cctatcagtg	600
atagagatct	ccctatcagt	gatagagatc	gtcgacgttt	agtgaaccgt	cagatcgcct	660
ggagacgcca	tccacgctgt	tttgacctcc	at agaagaca	ccgggaccga	tccagcctcc	720
gcggccggga	acggtgcatt	ggaacgcgga	ttccccgtgc	caagagtgac	gtaagtaccg	780
cctatagagt	ctataggccc	accccttgg	cttcttatgc	atgctatact	gtttttggct	840
tggggtctat	acacccccgc	ttcctcatgt	tataggtgat	ggtatagctt	agcctatagg	900
tgtgggttat	tgaccattat	tgaccactcc	cctattggtg	acgatacttt	ccattactaa	960
tccataacat	ggctctttgc	cacaactctc	tttattggct	atatgccaat	acactgtcct	1020
tcagagactg	acacggactc	tgtatttta	caggatgggg	tctcatttat	tatttacaaa	1080
ttcacatata	caacaccacc	gtccccagtg	cccgcagttt	ttattaaaca	taacgtggga	1140
	aatctcgggt					1200
	cgagccctgc					1260
	agtggaggcc					1320
	cgtggcggta					1380
ccgctgacgc	atttggaaga	cttaaggcag	cggcagaaga	agatgcaggc	agctgagttg	1440
ttgtgttctg	ataagagtca	gaggtaactc	ccgttgcggt	gctgttaacg	gtggagggca	1500
at at sat ct a	agcagtactc	attactacca	cacacaccac	cagacataat	agetgaeaga	1560
	gttcctttcc					1620
	ggtctctcga					1680
	ctccactggc					1740
	agctggtgga					1800
	agctggtgga					1860
SICICUISIS	uageettigg	arreactite	ugraatgiil	₈ ξαιξαξιι <u>ς</u>	SSILLELLAS	1000

gctccaggga gggggctgga gtgggttggc cgtattttaa gcaagactga tggtgggacg 1920 1980 acagactacg ctgcacccgt gaaagacaga ttcaccattt caagagatga ttctaaaaaat atgttgtttc tgcaaatgga cagcctgaaa atcgaggaca cagccgtgta tttctgtacc 2040 2100 acggccgatt tttggagtgc ttattcttct gactactggg gccagggaac cctggtcacc gtctcctcag gaggtggagg ttccgggggc gggggctccg gcggaggtgg atcagatatt 2160 2220 gtgatgactc agtctccact ctcctgccc gtcacccctg gagagccggc ctccatctcc 2280 tgcaggtcta gtcagagcct cctgcatagt aatgggtaca actatttgga ttggtaccta cagaagccag ggcagtctcc acaactcctg atctatttgg gttctaatcg ggcctccggg 2340 2400 gtccctgaca ggttcagtgg cagtggatca ggcacagatt ttacactgaa aatcagcaga atggaggetg aggatgttgg ggtttattac tgcatgcaag gtctacaaac tccgtacact 2460 tttggccagg ggaccaagct ggagatcaaa ggaggcggag ggagtgtttt gttttatctg 2520 gccgttggga taatgtttct cgtaaataca gtactttggg taacaataag gaaggaactg 2580 2640 aagagaaaga aaaaatggga tctggaaata tcattggaca gtggacacga aaaaaaagtc acatcatcat tgcaagaaga ccggcacttg gaggaggaac tgaaatgtca agagcaaaaa 2700 gaagaacaac tgcaagaagg cgtacataga aaagaaccac agggagcaac ataggcggcc 2760 gctaatcagc cataccacat ttgtagaggt tttacttgct ttaaaaaaacc tcccacacct 2820 2880 cccctgaac ctgaaacata aaatgaatgc aattgttgtt gttaacttgt ttattgcagc ttataatggt tacaaataaa gcaatagcat cacaaatttc acaaataaag cattttttc 2940 2992 actgcattct agttgtggtt tgtccaaact catcaatgta tcttatcatg tc <210> 48 <211> 5765 <212> DNA <213> Artificial sequence <220><223> synthetic <400> 48 acaacttcgt atagcataca ttatacgaag ttatggtacc aagcctaggc ctccaaaaaa 60 120 gcctcctcac tacttctgga atagctcaga ggcagaggcg gcctcggcct ctgcataaat 180 aaaaaaaatt agtcagccat ggggcggaga atgggcggaa ctgggcggag ttaggggcgg gatgggcgga gttaggggcg ggactatggt tgctgactaa ttgagatgca tgctttgcat 240 acttctgcct gctggggagc ctggggactt tccacacctg gttgctgact aattgagatg 300 catgettige atacticige etgetgggga geetggggae titecaeaee ggateeaeea 360

tgggttcagc	tattgagcag	gatgggttgc	atgctggtag	tcccgccgca	tgggtcgaac	420
gactgtttgg	atacgattgg	gcccaacaga	ctataggctg	ttccgacgct	gctgtctttc	480
gtctttctgc	acaaggtcgt	ccagttctgt	tcgtgaaaac	cgacttgtcc	ggagccctca	540
atgagttgca	agacgaagct	gcacgactga	gttggcttgc	caccactggt	gtcccatgtg	600
ccgcagtact	tgacgtcgtc	acagaggctg	gtcgcgattg	gttgctcctt	ggagaagtgc	660
ccggccaaga	tcttctcagt	tcccaccttg	ccctgccga	aaaagtttca	ataatggctg	720
acgctatgag	aaggctgcac	acccttgacc	ctgccacatg	tccattcgat	caccaagcca	780
aacaccgaat	tgaacgagct	agaacccgca	tggaagccgg	cctcgttgat	caagacgatt	840
t ggat gagga	acaccagggt	ctcgcacccg	ctgaactctt	cgctcgcctc	aaagcacgaa	900
tgccagacgg	agatgacttg	gtcgtaaccc	acggagatgc	ctgccttcct	aacataatgg	960
tagagaatgg	aagatttagc	ggcttcattg	attgtggacg	acttggagtt	gcagatcggt	1020
accaagatat	cgctctcgct	accagagata	ttgctgaaga	attgggcgga	gaatgggctg	1080
atcggtttct	cgtactctac	ggaattgccg	cacctgattc	ccaacgcatt	gctttttacc	1140
gtcttctgga	tgagttcttc	taaacgcgtc	cccctctcc	ctcccccc	cctaacgtta	1200
ctggccgaag	ccgcttggaa	taaggccggt	gtgcgtttgt	ctatatgtta	ttttccacca	1260
tattgccgtc	ttttggcaat	gtgagggccc	ggaaacctgg	ccctgtcttc	ttgacgagca	1320
ttcctagggg	tctttcccct	ctcgccaaag	gaatgcaagg	tctgttgaat	gtcgtgaagg	1380
aagcagttcc	tctggaagct	tcttgaagac	aaacaacgtc	tgtagcgacc	ctttgcaggc	1440
			tctgcggcca			1500
			acgttgtgag			1560
			aggggctgaa			1620
			gcacatgctt			1680
			ggacgtggtt			1740
			gagctgttca			1800
gt agagat gg	naggagagat	0000000000	angt t angag	t at aggrega	aggagagaga	1860
			aagttcagcg			1920
			ttcatctgca tacggcctgc			1920
			tccgccatgc			2040
						2100
			tacaagaccc			2100
ggcgacaccc	rggrgaaccg	carcgagerg	aagggcatcg	acticaagga	ggacggcaac	∠10U

atcctggggc acaagctgga gtacaactac aacagccaca acgtctatat catggccgac 2220

2280 aagcagaaga acggcatcaa ggtgaacttc aagatccgcc acaacatcga ggacggcagc gtgcagctcg ccgaccacta ccagcagaac acccccatcg gcgacggccc cgtgctgctg 2340 2400 cccgacaacc actacctgag ctaccagtcc gccctgagca aagaccccaa cgagaagcgc gatcacatgg tcctgctgga gttcgtgacc gccgccggga tcactctcgg catggacgag 2460 2520 ctgtacaagt aatcggccgc taatcagcca taccacattt gtagaggttt tacttgcttt 2580 aaaaaaacctc ccacacctcc ccctgaacct gaaacataaa atgaatgcaa ttgttgttgt taacttgttt attgcagctt ataatggtta caaataaagc aatagcatca caaatttcac 2640 2700 aaataaagca ttttttcac tgcattctag ttgtggtttg tccaaactca tcaatgtatc ttatcatgtc ggcgcgttga cattgattat tgactagtta ttaatagtaa tcaattacgg 2760 ggtcattagt tcatagccca tatatggagt tccgcgttac ataacttacg gtaaatggcc 2820 cgcctggctg accgcccaac gacccccgcc cattgacgtc aataatgacg tatgttccca 2880 2940 tagtaacgcc aatagggact ttccattgac gtcaatgggt ggagtattta cggtaaactg cccacttggc agtacatcaa gtgtatcata tgccaagtac gccccctatt gacgtcaatg 3000 acggtaaatg gcccgcctgg cattatgccc agtacatgac cttatgggac tttcctactt 3060 3120 ggcagtacat ctacgtatta gtcatcgcta ttaccatggt gatgcggttt tggcagtaca 3180 tcaatgggcg tggatagcgg tttgactcac ggggatttcc aagtctccac cccattgacg tcaatgggag tttgttttgg caccaaaatc aacgggactt tccaaaatgt cgtaacaact 3240 3300 ccgccccatt gacgcaaatg ggcggtaggc gtgtacggtg ggaggtctat ataagcagag 3360 ctctccctat cagtgataga gatctcccta tcagtgatag agatcgtcga cgtttagtga 3420 accgtcagat cgcctggaga cgccatccac gctgttttga cctccataga agacaccggg accgatccag cctccgcggc cgggaacggt gcattggaac gcggattccc cgtgccaaga 3480 3540 gtgacgtaag taccgcctat agagtctata ggcccacccc cttggcttct tatgcatgct atactgtttt tggcttgggg tctatacacc cccgcttcct catgttatag gtgatggtat 3600 agcttagcct ataggtgtgg gttattgacc attattgacc actcccctat tggtgacgat 3660 actttccatt actaatccat aacatggctc tttgccacaa ctctctttat tggctatatg 3720 ccaatacact gtccttcaga gactgacacg gactctgtat ttttacagga tggggtctca 3780 tttattattt acaaattcac atatacaaca ccaccgtccc cagtgcccgc agtttttatt 3840

aaacataacg tgggatctcc acgcgaatct cgggtacgtg ttccggacat ggtctcttct

3900

ccggtagcgg cggagcttct	acatccgagc	cctgctccca	tgcctccagc	gactcatggt	3960
cgctcggcag ctccttgctc	ctaacagtgg	aggccagact	taggcacagc	acgatgccca	4020
ccaccaccag tgtgccgcac	aaggccgtgg	cggtagggta	tgtgtctgaa	aatgagctcg	4080
gggagcgggc ttgcaccgct	gacgcatttg	gaagacttaa	ggcagcggca	gaagaagatg	4140
caggcagctg agttgttgtg	ttctgataag	agtcagaggt	aactcccgtt	gcggtgctgt	4200
taacggtgga gggcagtgta	gtctgagcag	tactcgttgc	tgccgcgcgc	gccaccagac	4260
ataatagctg acagactaac	agactgttcc	tttccatggg	tcttttctgc	agtcaccgtc	4320
cttgacacga agcttatact	cgagctctag	attgggaacc	cgggtctctc	gaattcgaga	4380
tctccaccat gcacagacct	agacgtcgtg	gaactcgtcc	acctccactg	gcactgctcg	4440
ctgctctcct cctggctgca	cgtggtgctg	atgcagaggt	gcagctggtg	gagtctgggg	4500
gagccatagt aaagccgggg	gggtcccata	gagtctcctg	tgaagcctct	ggattcactt	4560
tcagtaacgc ctggatgagt	tgggtccgcc	aggctccagg	gagggggctg	gagtgggttg	4620
gccgtatttt aagcaagact	gatggtggga	cgacagacta	cgctgcaccc	gtgaaagaca	4680
gattcaccat ttcaagagat	gattctaaaa	atatgttgtt	tctgcaaatg	gacagcctga	4740
aaatcgagga cacagccgtg	tatttctgta	ccacggccga	tttttggagt	gcttattctt	4800
ctgactactg gggccaggga	accctggtca	ccgtctcctc	aggaggt gga	ggttccgggg	4860
gcgggggctc cggcggaggt	ggatcagata	ttgtgatgac	tcagtctcca	ctctccctgc	4920
ccgtcacccc tggagagccg	gcctccatct	cctgcaggtc	tagtcagagc	ctcctgcata	4980
gtaatgggta caactatttg	gattggtacc	tacagaagcc	agggcagtct	ccacaactcc	5040
tgatctattt gggttctaat	cgggcctccg	gggtccctga	caggttcagt	ggcagtggat	5100
caggcacaga ttttacactg	aaaatcagca	gaatggaggc	tgaggatgtt	ggggtttatt	5160
actgcatgca aggtctacaa	acteegtaca	cttttggcca	ggggaccaag	ctggagatca	5220
aaggaggcgg agggagtgtt					5280
cagtactttg ggtaacaata					5340
tatcattgga cagtggacac					5400
tggaggagga actgaaatgt					5460
gaaaagaacc acagggagca					5520
gttttacttg ctttaaaaaa					5580
-		_	-	-	
gcaattgttg ttgttaactt	atttattaca	acttataata	attacanata	aagcaatage	5640
gcaattgttg ttgttaactt					5700
atcacaaatt tcacaaataa ctcatcaatg tatcttatca					5760
cicaicadig idicilalca	igiciaccgg	iaiaaciicg	ıaıaaıgıal	actatacgad	3100

gttag	5765
<210> 49	
<211> 660	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 49	
gacategtga tgacceagte tecaetetee etgecegtea eccetggaga geeggeetee	60
atetectgea ggtetagtea gageeteetg catagtaatg ggtacaacta tttggattgg	120
tacctacaga agccagggca gtctccacaa ctcctgatct atttgggttc taatcgggcc	180
tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cagattttac actgaaaatc	240
agcagaatgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaaggtct acaaactccg	300
tacacttttg gccaggggac caagctggag atcaaacgag ctgatgctgc accaactgta	360
tccatcttcc caccatccag tgagcagtta acatctggag gtgcctcagt cgtgtgcttc	420
ttgaacaact tctaccccaa agacatcaat gtcaagtgga agattgatgg cagtgaacga	480
caaaatggcg tcctgaacag ttggactgat caggacagca aagacagcac ctacagcatg	540
agcagcaccc tcacgttgac caaggacgag tatgaacgac ataacagcta tacctgtgag	600
gccactcaca agacatcaac ttcacccatt gtcaagagct tcaacagggg agagtgttga	660
<210> 50	
<211> 1359	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 50	
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggggcc atagtaaagc cgggggggtc ccatagagtc	60
tcctgtgaag cctctggatt cactttcagt aacgcctgga tgagttgggt ccgccaggct	120
ccagggaggg ggctggagtg ggttggccgt attttaagca agactgatgg tgggacgaca	180
gactacgctg cacccgtgaa agacagattc accatttcaa gagatgattc taaaaaatatg	240
ttgtttctgc aaatggacag cctgaaaatc gaggacacag ccgtgtattt ctgtaccacg	300
gccgattttt ggagtgctta ttcttctgac tactggggcc agggaaccct ggtcaccgtc	360
tecteageea aaacaacage eccateggte tatecaetgg eccetgtgtg tggagataca	420
actggctcct cggtgactct aggatgcctg gtcaagggtt atttccctga gccagtgacc	480

ttgacctgga actctggatc cctgtccagt ggtgtgcaca ccttcccagc tgtcctgcag	540
tetgacetet acacceteag eageteagtg actgtaacet egageacetg geceageeag	600
tccatcacct gcaatgtggc ccacccggca agcagcacca aggtggacaa gaaaattgag	660
cccagagggc ccacaatcaa gccctgtcct ccatgcaaat gcccagcacc taacctcttg	720
ggtggaccat ccgtcttcat cttccctcca aagatcaagg atgtactcat gatctccctg	780
agccccatag tcacatgtgt ggtggtggat gtgagcgagg atgacccaga tgtccagatc	840
agctggtttg tgaacaacgt ggaagtacac acagctcaga cacaaaccca tagagaggat	900
tacaacagta ctctccgggt ggtcagtgcc ctccccatcc agcaccagga ctggatgagt	960
ggcaaggagt tcaaatgcaa ggtcaacaac aaagacctcc cagcgcccat cgagagaacc	1020
atctcaaaac ccaaagggtc agtaagagct ccacaggtat atgtcttgcc tccaccagaa	1080
gaagagatga ctaagaaaca ggtcactctg acctgcatgg tcacagactt catgcctgaa	1140
gacatttacg tggagtggac caacaacggg aaaacagagc taaactacaa gaacactgaa	1200
ccagtcctgg actctgatgg ttcttacttc atgtacagca agctgagagt ggaaaagaag	1260
aactgggtgg aaagaaatag ctactcctgt tcagtggtcc acgagggtct gcacaatcac	1320
cacacgacta agagcttctc ccggactccg ggtaaatga	1359
<210> 51	
<211> 1011	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> synthetic	
<400> 51	
gaggtgcagc tggtggagtc tggggggagcc atagtaaagc cgggggggtc ccatagagtc	60
tcctgtgaag cctctggatt cactttcagt aacgcctgga tgagttgggt ccgccaggct	120
ccagggaggg ggctggagtg ggttggccgt attttaagca agactgatgg tgggacgaca	180
gactacgctg cacccgtgaa agacagattc accatttcaa gagatgattc taaaaatatg	240
ttgtttctgc aaatggacag cctgaaaatc gaggacacag ccgtgtattt ctgtaccacg	300
gccgattttt ggagtgctta ttcttctgac tactggggcc agggaaccct ggtcaccgtc	360
tcctcaggag gtggaggttc cgggggcggg ggctccggcg gaggtggatc agatattgtg	420
atgactcagt ctccactctc cctgcccgtc acccctggag agccggcctc catctcctgc	480
aggtctagtc agagcctcct gcatagtaat gggtacaact atttggattg gtacctacag	540
aagccagggc agtctccaca actcctgatc tatttgggtt ctaatcgggc ctccggggtc	600

cctgacaggt tcagtggcag tggatcaggc acagatttta cactgaaaat cagcagaatg	660
gaggctgagg atgttggggt ttattactgc atgcaaggtc tacaaactcc gtacactttt	720
ggccagggga ccaagctgga gatcaaagga ggcggaggga gtgttttgtt ttatctggcc	780
gttgggataa tgtttctcgt aaatacagta ctttgggtaa caataaggaa ggaactgaag	840
agaaagaaaa aatgggatct ggaaatatca ttggacagtg gacacgaaaa aaaagtcaca	900
tcatcattgc aagaagaccg gcacttggag gaggaactga aatgtcaaga gcaaaaagaa	960
gaacaactgc aagaaggcgt acatagaaaa gaaccacagg gagcaacata g	1011