

# (19) 대한민국특허청(KR)

# (12) 등록특허공보(B1)

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)

*C12N* 15/62 (2006.01) *C07K* 14/705 (2006.01) *C07K* 19/00 (2006.01)

(21) 출원번호 **10-2014-7010498** 

(22) 출원일자(국제) **2012년10월05일** 심사청구일자 **2017년02월22일** 

(85) 번역문제출일자 2014년04월18일

(65) 공개번호 10-2014-0073531

(43) 공개일자 2014년06월16일

(86) 국제출원번호 PCT/JP2012/076034

(87) 국제공개번호 **WO 2013/051718** 국제공개일자 **2013년04월11일** 

(30) 우선권주장

JP-P-2011-222510 2011년10월07일 일본(JP)

(56) 선행기술조사문헌

The Journal of Immunology (2007) 179:6916-6926\*

(뒷면에 계속)

전체 청구항 수 : 총 10 항

(45) 공고일자 2019년03월11일

(11) 등록번호 10-1956751

(24) 등록일자 2019년03월05일

(73) 특허권자

고쿠리츠다이가쿠호진 미에다이가쿠

일본 미에켄 츠시 구리마마치야쵸 1577

다카라 바이오 가부시키가이샤

일본국 시가켄 쿠사츠시 노지히가시 7쵸메 4방 3 8고

(72) 발명자

시쿠 히로시

일본 5148507 미에켄 츠시 에도바시 2초메 174반지 고쿠리츠다이가쿠호진 미에다이가쿠 다이가쿠 잉 이료케이 겐큐쇼나이

오리토 유키

일본 5148507 미에켄 츠시 에도바시 2초메 174반 지 고쿠리츠다이가쿠호진 미에다이가쿠 다이가쿠 잉 이료케이 겐큐쇼나이

(뒷면에 계속)

(74) 대리인

특허법인한성

심사관 : 김승범

## (54) 발명의 명칭 **키메라 항원 수용체**

#### (57) 요 약

항원에 결합하는 세포외 도메인, 막관통 도메인 및 적어도 하나의 세포내 도메인을 포함하는 키메라 항원 수용체로써, 세포내 도메인으로서 글루코코르티코이드 유도 종양괴사인자 수용체(GITR)의 세포내 도메인을 포함하는 것을 특징으로 하는 키메라 항원 수용체, 당해 키메라 항원 수용체를 코딩하는 핵산, 당해 키메라 항원 수용체를 발현하는 세포 및 당해 세포를 제조하는 방법이 제공된다.

## (72) 발명자

### 미네노 준이치

일본 5202193 시가켄 오츄시 세타 3-초메 4-1 다카 라 바이오 가부시키가이샤내

#### 오카모토 사치코

일본 5202193 시가켄 오츄시 세타 3-초메 4-1 다카 라 바이오 가부시키가이샤내

## 아마이시 야스노리

일본 5202193 시가켄 오츄시 세타 3-초메 4-1 다카 라 바이오 가부시키가이샤내

### (56) 선행기술조사문헌

Current Opinion in Immunology (2009)

21:215-223\*

US6103521 A

Cellular Immunology (2005) 235:56-64

The Journal of Immunology (2005) 174:7869-7874

European Journal of Immunology (2002)

32:3617-3627

Molecular Therapy (2013) 21(1):S240

US20060025576 A1

US20020098525 A1

W02010085660 A2

\*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

#### 명세서

#### 청구범위

#### 청구항 1

항원에 결합하는 세포외 도메인, 막관통 도메인 및 적어도 하나의 세포내 도메인을 포함하는 키메라 항원 수용체를 코딩하는 핵산으로서, 세포내 도메인으로서 글루코코르티코이드 유도 종양괴사인자 수용체(GITR)의 세포내 도메인을 포함하고, 세포내 도메인으로서 추가로 CD3 ζ 세포내 도메인을 포함하며, GITR의 세포내 도메인이 CD3 ζ 세포내 도메인보다 C 말단측에 배치되는 것을 특징으로 하는 키메라 항원 수용체를 코딩하는 핵산.

## 청구항 2

제 1 항에 있어서, 항원이 종양항원인 키메라 항원 수용체를 코딩하는 핵산.

### 청구항 3

제 1 항에 있어서, 항원에 결합하는 세포외 도메인이 항원에 결합하는 항체의 단쇄항체인 키메라 항원 수용체를 코딩하는 핵산.

#### 청구항 4

삭제

#### 청구항 5

삭제

#### 청구항 6

항원에 결합하는 세포외 도메인, 막관통 도메인 및 적어도 하나의 세포내 도메인을 포함하는 키메라 항원 수용체로서, 세포내 도메인으로서 GITR의 세포내 도메인을 포함하고, 세포내 도메인으로서 추가로 CD3 ζ 세포내 도메인을 포함하며, GITR의 세포내 도메인이 CD3 ζ 세포내 도메인보다 C 말단측에 배치되는 것을 특징으로 하는 키메라 항원 수용체.

### 청구항 7

제 6 항에 있어서, 항원이 종양항원인 키메라 항원 수용체.

#### 청구항 8

제 6 항에 있어서, 항원에 결합하는 세포외 도메인이 항원에 결합하는 항체의 단쇄항체인 키메라 항원 수용체.

### 청구항 9

삭제

## 청구항 10

삭제

#### 청구항 11

제 1 항 내지 제 3 항 중 어느 한 항에 기재된 핵산을 단리된 세포에 도입하는 공정을 포함하는 키메라 항원 수용체 발현 세포의 제조방법.

#### 청구항 12

제 11 항에 있어서, 세포가 T세포 또는 T세포를 함유하는 세포집단인 키메라 항원 수용체 발현 세포의 제조방법.

### 청구항 13

제 1 항 내지 제 3 항 중 어느 한 항에 기재된 핵산이 도입된 단리된 키메라 항원 수용체 발현 세포.

#### 청구항 14

제 13 항에 있어서, 세포가 T세포 또는 T세포를 함유하는 세포집단인 단리된 키메라 항원 수용체 발현 세포.

#### 발명의 설명

## 기술분야

[0001] 본 발명은 종양에 대한 양자면역 유전자치료의 분야에 있어서 유용한 키메라 항원 수용체를 코딩하는 핵산 및 키메라 항원 수용체를 발현하는 세포에 관한 것이다.

### 배경기술

- [0002] 종양에 대한 치료 전략으로서, 특정한 항원에 결합하는 T세포 수용체(TCR) 유전자를 임의의 T세포에 도입하는 것에 의해, 목적의 항원을 표적으로 하는 T세포를 제작하는 것을 기대할 수 있다. 이것에 의거해서, 많은 종양 항원, 예를 들면 WT1, MART1, gp100, CEA, CD19 및 mHAG HA-2 항원을 표적으로 한 TCR 유전자에 의한 양자면역 유전자치료가 시도되고 있다.
- [0003] 종양에 대한 새로운 양자면역 유전자치료로서, 유전자변형 T세포요법이 주목 받고 있다. 이 치료법은 종양세포의 표면항원으로의 특이성과 T세포의 활성화능을 가지는 키메라 항원 수용체(Chimeric Antigen Receptor: CAR)를 코딩하는 핵산을 T세포에 도입하고, 수득된 유전자도입 T세포를 체외에서 증식시켜서 수주하는 방법이다. 이 방법은 항체의약에 비해서 항종양 효과가 보다 강력하고, 효과도 보다 장기간 지속된다고 생각되고 있으며, 그임상효과에 대단히 기대를 하고 있다.
- [0004] 대표적인 CAR의 구조는 종양세포의 표면항원을 인식하는 단쇄항체(single chain variable fragment: scFv), 막관통 도메인과 T세포를 활성화시키는 TCR 복합체 CD3 5의 세포내 도메인으로 구성된다. 이러한 구성의 CAR은 제1 세대 CAR이라 부르고 있다. 단쇄항체 부분의 유전자는 예를 들면, 표적으로 하는 항원을 인식하는 모노클로널 항체를 생산하는 하이브리도마로부터 단리된다. CAR을 발현하는 T세포는 종양세포 상의 주요조직 적합 항원 클래스I의 발현과는 무관하게 종양세포의 표면항원을 직접 인식하고, 동시에 T세포를 활성화함으로써, 효율적으로 종양세포를 살상하는 것이 가능하다.
- [0005] 제1 세대 CAR의 T세포 활성화능을 증강시킬 목적으로, T세포의 공자극 분자인 CD28의 세포내 도메인을 연결한 제2 세대 CAR이 개발되어 있다. 새로운 개량형으로서, 추가로 종양괴사인자(TNF) 수용체 슈퍼패밀리인 CD137(4-1BB) 또는 CD134(0X40) 유래의 세포내 도메인을 탠덤으로 연결한 제3 세대 CAR도 개발되어, 다양한 종양항원을 표적으로 한 많은 CAR 분자가 보고되고 있다(비특허문헌 1). 그렇지만, 현재 보고되고 있는 제2 세대 및 제3 세대 CAR에서 세포내 도메인으로서 사용되고 있는 공자극 분자는 한정되어 있다. CAR에 연결했을 때에, T세포의 공자극 분자유래의 세포내 도메인이 한결같이 강하게 T세포를 자극해서 표적으로 하는 종양세포를 상해하는 것이 아닌 것임이 알려져 있다. 예를 들면, CD137 유래의 세포내 도메인을 연결한 제2 세대 CAR은 제1 세대 CAR과 동일정도의 세포상해활성밖에 나타내지 않는, 즉 당해 세포내 도메인은 CAR의 기능향상에 효과가 인정되지 않음이 보고되고 있다(비특허문헌 2). 따라서 CAR에 연결했을 때에 유효한 새로운 공자극 분자를 찾아내는 것이 요구되고 있었다.

### 선행기술문헌

#### 비특허문헌

- [0007] (비특허문헌 0001) Current Opinionin Immunology, Vol. 21, pp. 215-223 (2009)
  - (비특허문헌 0002) J. Immunology, Vol. 172, pp. 104-113 (2004)
  - (비특허문헌 0003) Immunol. Rev., Vol. 182, pp. 18-32 (2001)
  - (비특허문헌 0004) Immunity, Vol. 16, pp. 311-323 (2002)

#### 발명의 내용

### 해결하려는 과제

[0008] 본 발명의 목적은 표적으로 하는 항원에 특이적으로 결합하고, 표적으로 하는 세포에 대한 높은 세포상해활성을 세포에 부여하는 CAR을 코딩하는 핵산 및 당해 CAR을 발현하는 세포를 제공하는 것에 있다.

#### 과제의 해결 수단

- [0009] 본 발명자들은 상기의 과제를 해결하기 위해서 예의 노력한 결과, GITR의 세포내 도메인을 가지는 CAR을 발현하는 세포는 표적으로 하는 항원에 특이적으로 결합하고, 표적으로 하는 세포에 대해서 높은 세포상해활성을 가지는 것임을 발견하고, 본 발명을 완성시켰다.
- [0010] 즉 본 발명을 개략적으로 설명하면 이하에 관한 것이다.
- [0011] [1] 항원에 결합하는 세포외 도메인, 막관통 도메인 및 적어도 하나의 세포내 도메인을 포함하는 CAR을 코딩하는 핵산으로써, 세포내 도메인으로서 GITR의 세포내 도메인을 포함하는 것을 특징으로 하는 CAR을 코딩하는 핵산.
- [0012] [2] 상기 [1]에서, 항원이 종양항원인 CAR을 코딩하는 핵산.
- [0013] [3] 상기 [1]에서, 항원에 결합하는 세포외 도메인이 항원에 결합하는 항체의 단쇄항체인 CAR을 코딩하는 핵산.
- [0014] [4] 상기 [1]에서, 세포내 도메인으로서 추가로, CD3 ¼ 세포내 도메인을 포함하는 CAR을 코딩하는 핵산.
- [0015] [5] 상기 [4]에서, GITR의 세포내 도메인이 CD3 7 세포내 도메인보다 C말단측에 배치되는 CAR을 코딩하는 핵산.
- [0016] [6] 항원에 결합하는 세포외 도메인, 막관통 도메인 및 적어도 하나의 세포내 도메인을 포함하는 CAR로써, 세포 내 도메인으로서 GITR의 세포내 도메인을 포함하는 것을 특징으로 하는CAR.
- [0017] [7] 상기 [6]에서, 항원이 종양항원인 CAR.
- [0018] [8] 상기 [6]에서, 항원에 결합하는 세포외 도메인이 항원에 결합하는 항체의 단쇄항체인 CAR.
- [0019] [9] 상기 [6]에서, 세포내 도메인으로서 추가로, CD3 ζ 세포내 도메인을 포함하는 CAR.
- [0020] [10] 상기 [9]에서, GITR의 세포내 도메인이 CD3 7 세포내 도메인보다 C말단측에 배치되는 CAR.
- [0021] [11] 상기 [1] 내지 [5] 중 어느 하나에 기재된 핵산을 세포에 도입하는 공정을 포함하는 CAR 발현세포의 제조 방법.
- [0022] [12] 상기 [11]에서, 세포가 T세포 또는 T세포를 함유하는 세포집단인 CAR 발현세포의 제조방법.
- [0023] [13] 상기 [1] 내지 [5] 중 어느 하나에 기재된 핵산이 도입된 CAR 발현세포.
- [0024] [14] 상기 [13]에서, 세포가 T세포 또는 T세포를 함유하는 세포집단인 CAR 발현세포.

### 발명의 효과

[0025] 본 발명에 의해, 종양항원 등의 항원을 표적으로 한 양자면역 유전자치료의 분야에 있어서 유용한 키메라 항원 수용체, 키메라 항원 수용체를 코딩하는 핵산 및 키메라 항원 수용체를 발현하는 세포가 제공된다. 본 발명의 키메라 항원 수용체는 도입된 세포에서의 발현량이 높고, 도입된 세포는 높은 세포상해활성을 나타낸다.

### 도면의 간단한 설명

[0026] 도 1은 실시예에서 사용하는 CAR의 제작순서를 나타내는 도면이다. 항CEA(carcinoembryonic antigen) 모노클로 널 항체의 scFv를 「CEA-scFv」, 힌지 도메인을 「CD8 hinge」, CD28의 막관통 도메인을 「CD28 TM」, CD28의 세포내 도메인을 「CD28 ICD(Intra Cellular Domain)」, CD3 ζ 세포내 도메인을 「CD3 ζ」, 말단반복서열을 「LTR」, 스플라이스 도너서열을 「SD」, 스플라이스 억셉터 서열을 「SA」, 패키징 시그널 서열을 「Ψ」으로 표시한다.

도 2는 실시예에서 사용하는 CAR의 구조를 나타내는 도면이다. 항원에 결합하는 항체의 scFv를 「scFv」, 스페이서 도메인을 「Spacer domain」, CD28의 막관통 도메인을 「CD28 TM」, CD28의 세포내 도메인을 「CD28 ICD」, GITR의 막관통 도메인을 「GITR TM」, GITR 세포내 도메인을 「GITR ICD」, CD3 ζ 세포내 도메인을 「CD3 ζ 」으로 나타낸다. 본 명세서 중, 각 CDR의 구조를 (1) z, (2) 28z, (3) z28, (4) Gz, (5) zG, (6) 28Gz, (7) G28z, (8) zG28, (9) 28zG, 및 (10) z28G로 약칭해서 표시한다.

도 3은 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 CEA가 결합하는 비율을 나타내는 도면이다.

도 4는 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 결합하는 표지한 CEA의 형광강도를 나타내는 도면이다.

도 5는 CAR이 도입된 세포에 CEA가 결합하는 비율을 나타내는 도면이다.

도 6은 CAR이 도입된 세포에 결합하는 표지한 CEA의 형광강도를 나타내는 도면이다.

도 7은 CAR이 도입된 세포의 세포상해활성을 나타내는 도면이다.

도 8은 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 CEA가 결합하는 비율을 나타내는 도면이다.

도 9은 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 결합하는 표지한 CEA의 형광강도를 나타내는 도면이다.

도 10은 CAR이 도입된 세포의 세포상해활성을 나타내는 도면이다.

도11은 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 CEA가 결합하는 비율을 나타내는 도면이다.

도 12는 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 결합하는 표지한 CEA의 형광강도를 나타내는 도면이다.

도 13은 레트로바이러스 카피수에 대한 사이토카인 IFN y 을 생산하는 세포의 비율을 나타내는 도면이다.

도 14는 레트로바이러스 카피수에 대한 사이토카인 IFN x 의 생산량을 나타내는 도면이다.

도 14는 레트로바이러스 카피수에 대한 사이토카인 TNF a를 생산하는 세포의 비율을 나타내는 도면이다.

도 16은 레트로바이러스 카피수에 대한 사이토카인 TNFα의 생산량을 나타내는 도면이다.

도 17은 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 EGFR(Epidermal Growth Factor Receptor)이 결합하는 비율을 나타내는 도면이다.

도 18은 레트로바이러스 카피수에 대한 CAR이 도입된 세포에 결합하는 표지한 EGFR의 형광강도를 나타내는 도면이다.

도 19는 레트로바이러스 카피수에 대한 사이토카인을 생산하는 세포의 비율을 나타내는 도면이다.

도 20은 레트로바이러스 카피수에 대한 사이토카인의 생산량을 나타내는 도면이다.

### 발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0027] 본 명세서에 있어서 「키메라 항원 수용체(CAR)」란 항원에 결합하는 세포외 도메인, 상기 세포외 도메인과는 다른 폴리펩티드에 유래하는 막관통 도메인 및 적어도 하나의 세포내 도메인을 포함하는 융합 단백질을 나타낸다. 「키메라 항원 수용체(CAR)」는 「키메라 수용체」, 「T-body」, 「키메라 면역 수용체(CIR)」라고 불리는경우가 있다. 「항원에 결합하는 세포외 도메인」은 어떤 항원에 결합할 수 있는 임의의 올리고 또는 폴리펩티드를 나타내고, 「세포내 도메인」은 세포내에서 생물학적 프로세스의 활성화 또는 저해를 가져오는 시그널을 전달하는 도메인으로서 기능하는 것임이 알려져 있는 임의의 올리고 또는 폴리펩티드를 의미한다.

[0028] 본 명세서에 있어서 「종양항원」이란 세포의 암화(癌化)에 동반해서 새롭게 발현이 인정되게 되는, 항원성을

가지는 생체분자를 의미한다. 종양항원의 검출, 예를 들면, 면역학적인 검출은 암화된 세포와 그 모세포의 구별에 유용하다. 본 발명에서의 종양항원은 종양특이항원(종양세포에만 존재하고, 다른 정상세포에서는 볼 수 없는 항원), 또는 종양관련 항원(다른 장기·조직 또는 이종이계의 정상세포에도 존재하는 항원, 발생·분화의 도상에 있어서 발현하는 항원)을 포함한다.

- [0029] 본 명세서에 있어서 「글루코코르티코이드 유도 종양괴사인자 수용체(GITR)」란 글루코코르티코이드 유도 종양 괴사인자 수용체 패밀리 관련 유전자(Glucocorticoid-induced TNF receptor-family related gene)의 산물인 단백질을 나타낸다. GITR은 세포표면의 막관통 단백질수용체로서, TNF 수용체(TNFR) 슈퍼패밀리의 일원이다. GITR은 비활성화 T세포 상에 구축적으로 존재하는 것임이 나타나 있고, GITR 리간드(GITRL)라고 불리는 별도의 막관통 단백질에 결합한다. GITR의 아미노산 서열은 NCBI Reference Sequence(NCBI RefSeq): NP\_004186.1, Curr. Biol., 제9권, 제4호, 제215-218쪽(1999)에 기재된다.
- [0030] 본 명세서에 있어서 「단쇄항체(scFv)」이란 항원과의 결합능력을 지닌, 항체유래의 싱글-스트랜드 폴리펩티드를 의미한다. 예를 들면 재조합 DNA기술에 의해 형성되고, 스페이서 서열을 통해서 면역글로블린 중쇄(H쇄) 및 경쇄(L쇄) 프래그먼트의 Fv영역을 연결한 항체 폴리펩티드가 예시된다. scFv의 각종 제작방법이 공지되어 있는데, 미국특허 제4694778호; Science, 제242권, 제423-442쪽(1988); Nature, 제334권, 제54454쪽(1989); Science, 제242권, 제1038-1041쪽(1988)에 기재되어 있는 방법을 들 수 있다.
- [0031] 본 명세서에 있어서 「도메인」이란 폴리펩티드 내의 1영역으로써, 다른 영역과는 독립해서 특정한 구조로 접어 지는(폴딩되는) 영역을 의미한다.
- [0032] (1) 본 발명의 CAR
- [0033] 본 발명의 CAR은 N말단측에서 차례로 항원에 결합하는 세포외 도메인, 막관통 도메인 및 적어도 하나의 세포내 도메인을 포함하고, 세포내 도메인으로서 GITR의 세포내 도메인을 포함하는 것을 특징으로 한다. 본 발명의 CAR는 비포에서의 발현량이 높고, 본 발명의 CAR을 발현하는 세포는 세포의 증식율, 사이토카인의 생산량이 높고, CAR이 결합하는 항원을 표면에 가지는 세포에 대해서 높은 세포상해활성을 갖는다.
- [0034] (a) 세포외 도메인
- [0035] 본 발명의 CAR에 사용되는 「항원에 결합하는 세포외 도메인」은 표적으로 하는 항원에 결합할 수 있는 올리고 또는 폴리펩티드를 포함하는 도메인으로서 예를 들면, 항체의 항원결합 도메인, 수용체의 리간드 결합 도메인이 포함된다. 이 도메인은 항원, 예를 들면, 세포표면에 존재하는 항원과 결합하고, 상호작용하는 것에 의해 CAR을 발현하는 세포에 특이성을 부여한다. 본 발명에 있어서 특히 유용한 세포외 도메인으로서는 항체(H쇄 및 L쇄), TCR의 가변영역(TCRα, TCRβ, TCRγ, TCRδ), CD8α, CD8β, CD11A, CD11B, CD11C, CD18, CD29, CD49A, CD49B, CD49D, CD49E, CD49F, CD61, CD41, 또는 CD51에 유래하는 것이 예시된다. 이것들의 단백질 전체를 사용하는 것이 유효한 경우도 있지만, 특히 항원이나 리간드에 결합하는 도메인, 예를 들면, 항체 Fab 프래그먼트, 항체가변영역[H쇄의 V영역(VH) 및 L쇄의 V영역(VL)] 또는 수용체의 세포외 도메인을 사용할 수 있다. 특히 scFv를 호적하게 사용할 수 있다.
- [0036] 본 발명의 CAR의 세포외 도메인은 1종류의 항원 또는 리간드에만 결합하는 것일 수도 있고, 2종 이상의 항원 또는 리간드에 결합하는 세포외 도메인일 수도 있다. 본 발명에는, 하나의 세포외 도메인을 포함하는 CAR 및 2개이상의 세포외 도메인을 포함하는 CAR의 어느 것이나 포함된다.
- [0037] 세포외 도메인은 표적으로 하는 항원을 인식하는 항체 또는 상기 항원과 상호작용하는 분자로부터 선택할 수 있다. 이 항원은 예를 들면, 바이러스항원, 세균(특히 감염성 세균)항원, 기생충항원, 특정한 병상에 관계된 표적세포 상의 세포표면 마커(예를 들면 종양항원)이나 면역 관련 세포의 표면분자를 포함한다.
- [0038] 본 발명의 하나의 형태로서, 예를 들면, 레트로바이러스과(retroviridae, 예를 들면, HIV-1 및 HIV-LP와 같은, 인간 면역부전 바이러스), 피코루나바이러스과(Picornaviridae, 예를 들면, 폴리오바이러스, A형 간염 바이러스, 엔테로바이러스, 인간 콕사키바이러스, 라이노바이러스, 에코바이러스), 풍진바이러스, 코로나바이러스, 수포성 구내염 바이러스, 광견병 바이러스, 에볼라 바이러스, 파라인플루엔자 바이러스, 멈프스바이러스, 홍역바이러스, 호흡기합포체 바이러스, 인플루엔자 바이러스, B형 간염 바이러스, 파보바이러스, 아데노위르스과(Adenoviridae), 포진바이러스과[Herpesviridae, 예를 들면, 1형 및 2형의 단순포진 바이러스(HSV), 수두대 상포진 바이러스, 시토메갈로바이러스(CMV), 헤르페스바이러스], 폭스바이러스과(Poxviridae, 예를 들면, 천연두 바이러스, 백시니아바이러스, 폭스바이러스), C형 간염 바이러스에 유래하는 항원에 결합하는 CAR이 제공된

다.

- 본 발명의 다른 형태로서, 포도상구균속(Staphylococci)의 균종, 연쇄구균속(Streptococcus)의 균종, 대장균 (Escherichia coli)의 균종, 슈우도모나드속(Pseudomonas)의 균종 및 살모넬라속(Salmonella)의 균종에 유래하는 항원에 결합하는 CAR이 포함된다. 특히, 감염성 세균, 예를 들면, 헬리코박터피로리(Helicobacter pyloris), 레지오넬라 뉴모필리아(Legionella pneumophilia), 마이코박테리움속(Mycobacteriasps)의 균종(예를 들면, M.tuberculosis, M.avium, M.intracellulare, M.kansaii, M.gordonea), 황색 포도상구균(Staphylococcus aureus), 임균(Neisseria gonorrhoeae), 수막염균(Neisseria meningitidis), 리스테리아균(Listeria monocytogenes), 화농연쇄구균(Streptococcus pyogenes), A군 연쇄구균, B군 연쇄구균(Streptococcus agalactiae), 페렴연쇄 구균(Streptococcus pneumoniae), 파상풍균(Clostridiumtetani)에 유래하는 항원에 결합하는 CAR이 제공된다.
- [0040] 본 발명의 다른 형태로서, 5T4, 알파 5β1-인테그린, 707-AP, AFP, ART-4, B7H4, BAGE, β-카테닌/m, Bcr-abl, MN/CIX 항원, CA125, CAMEL, CAP-1, CASP-8, CD4, CD19, CD20, CD22, CD25, CDC27/m, CD30, CD33, CD52, CD56, CD80, CDK4/m, CEA, CT, Cyp-B, DAM, EGFR, ErbB3, ELF2M, EMMPRIN, EpCam, ETV6-AML1, G250, GAGE, GnT-V, Gp100, HAGE, HER-2/new, HLA-A\*0201-R170I, HPV-E7, HSP70-2M, HST-2, hTERT(또는 hTRT), iCE, IGF-1R, IL-2R, IL-5, KIAA0205, LAGE, LDLR/FUT, MAGE, MART-1/melan-A, MART-2/Ski, MC1R, 미오신/m, MUC1, MUM-1, MUM-2, MUM-3, NA88-A, PAP, 프로테이나제-3, p190 마이너 bcr-abl, Pml/RARα, PRAME, PSA, PSM, PSMA, RAGE, RU1 또는 RU2, SAGE, SART-1 또는 SART-3, 서바이빈, TEL/AML1, TGFβ, TPI/m, TRP-1, TRP-2, TRP-2/INT2, VEGF, WT1, NY-Eso-1 또는 NY-Eso-B 등의 종양항원에 결합하는 CAR이 제공된다. 또, 세포표면 접착 분자, 자기면역질환에 있어서 출현하는 염증세포의 표면분자, 및 자기면역을 일으키는 TCR에 결합하는 CAR도 제공된다.
- [0041] (b) 세포내 도메인
- [0042] 본 발명에 사용되는 세포내 도메인은 동일분자 내에 존재하는 세포외 도메인이 항원과 결합(상호작용)했을 때에, 세포내에 시그널을 전달하는 것이 가능한 분자이다.
- [0043] 본 발명의 CAR은 세포내 도메인으로서 GITR의 세포내 도메인을 포함하는 것을 특징으로 한다. GITR의 세포내 도메인은 동일한 기능을 가지는 그 변이체를 포함한다. 용어 「변이체」는 1개 또는 수 개~복수 개의 아미노산 치환, 결실 또는 부가를 포함하는 임의의 변이체를 의미하지만, 단, 해당 변이체는 원래의 서열이 지니고 있었던 것과 동일한 기능을 실질적으로 지닌다. 예를 들면, 본 발명에 사용하는 GITR의 세포내 도메인은 GITR(NCBI Ref Seq: NP\_004186.1)의 아미노산번호 193~241(서열번호 28)을 포함하는 세포내 도메인이 예시된다.
- [0044] 본 발명의 CAR는 GITR의 세포내 도메인에 부가해서 다른 폴리펩티드에 유래하는 세포내 도메인을 사용할 수 있다. 이러한 세포내 도메인은 TCR 복합체 및 공자극 분자에 유래하는 세포질 서열, 및 그것들의 서열의 동일한 기능을 가지는 임의의 변이체가 포함된다.
- [0045] TCR 복합체만을 통해서 발생된 시그널은 T세포의 활성화에 불충분한 것, 및 2차 또는 공자극 시그널도 필요하다는 것이 알려져 있다. 천연의 T세포 활성화는 2개의 서로 다른 종류의 세포질 시그널 전달서열, 즉 TCR 복합체를 통해서 항원 의존적 1차 활성화를 개시시키는 서열(1차 세포질 시그널 전달서열) 및 항원 비의존적으로 작용해서 2차 또는 공자극 시그널을 제공하는 서열(2차 세포질 시그널 전달서열)에 의해 전달되고 있다. 호적한 형태에 있어서, 본 발명의 CAR은 세포내 도메인으로서, 상기 1차 세포질 시그널 전달서열 및/또는 2차 세포질 시그널 전달서열을 포함한다.
- [0046] 1차 세포질 시그널 전달서열은 TCR 복합체의 1차 활성화를 조절한다. 활성화를 자극하는 1차 세포질 시그널 전달서열은 면역 수용체 타이로신 베이스 활성화 모티브(ITAM)로서 알려지는 시그널전달 모티브를 포함하는 경우가 있다[Nature, 제338권, 제383-384쪽(1989)]. 한편, 억제적으로 작용하는 1차 세포질 시그널 전달서열은 면역수용체 타이로신 베이스 억제 모티브(ITIM)로서 알려지는 시그널전달 모티브를 포함한다[J Immunol., 제162권, 제2호, 제897-902쪽(1999)]. 본 발명에는 ITAM 또는 ITIM을 가지는 세포내 도메인을 사용할 수 있다.
- [0047] 본 발명에서 사용할 수 있는 ITAM을 가지는 세포내 도메인은 예를 들면, CD3 ζ, FcR γ, FcR β, CD3 γ, CD3 δ, CD3 ε, CD5, CD22, CD79a, CD79b, 및 CD66d에 유래하는 ITAM을 포함한다. 구체적으로는 CD3 ζ (NCBI RefSeq: NP\_932170.1)의 아미노산번호 51~164(서열번호 26), Fc ε RI γ (NCBI RefSeq: NP\_004097.1)의 아미노산번호 45~86, Fc ε RI β (NCBI RefSeq: NP\_000130.1)의 아미노산번호 201~244, CD3 γ (NCBI RefSeq: NP\_000064.1)의 아미노산번호 139~182, CD3 δ (NCBI RefSeq: NP\_000723.1)의 아미노산번호 128~171, CD3 ε (NCBI RefSeq: NP\_000723.1)의

NP\_000724.1)의 아미노산번호 153~207, CD5(NCBI RefSeq: NP\_055022.2)의 아미노산번호 402~495, CD22(NCBI RefSeq: NP\_001762.2)의 아미노산번호 707~847, CD79a(NCBI RefSeq: NP\_001774.1)의 아미노산번호 166~226, CD79b(NCBI RefSeq: NP\_000617.1)의 아미노산번호 182~229, CD66d(NCBI RefSeq: NP\_001806.2)의 아미노산번호 177~252의 서열을 가지는 펩티드 및 이것들로 동일한 기능을 가지는 그 변이체를 들 수 있다. 또, 본 명세서에 기재하는 NCBI RefSeq ID나 GenBank의 아미노산 서열정보에 의거하는 아미노산번호는 각 단백질의 전구체(시그 널 펩티드 서열 등을 포함한다)를 전장으로 해서 붙여진 번호이다.

- [0048] 본 발명에서 사용할 수 있는 2차 세포질 시그널 전달서열을 포함하는 세포내 도메인에는 예를 들면, CD2, CD4, CD5, CD8 α, CD8β, CD28, CD134, CD137, ICOS, 및 CD154에 유래하는 서열이 포함된다. 구체적으로는 CD2(NCBI RefSeq: NP\_001758.2)의 아미노산번호 236~351, CD4(NCBI RefSeq: NP\_000607.1)의 아미노산번호 421~458, CD5(NCBI RefSeq: NP\_055022.2)의 아미노산번호 402~495, CD8 α(NCBI RefSeq: NP\_001759.3)의 아미노산번호 207~235, CD8β(GenBank: AAA35664.1)의 아미노산번호 196~210, CD28(NCBI RefSeq: NP\_006130.1)의 아미노산 번호 181~220(서열번호25), CD137(4-1BB, NCBI RefSeq: NP\_001552.2)의 아미노산번호 214~255, CD134(OX40, NCBI RefSeq: NP\_003318.1)의 아미노산번호 241~277, ICOS(NCBI RefSeq: NP\_036224.1)의 아미노산번호 166~199의 서열을 가지는 펩티드 및 이것들로 동일한 기능을 가지는 그 변이체를 들 수 있다.
- [0049] 본 발명은 세포내 도메인으로서 GITR의 세포내 도메인만을 포함하는 CAR, GITR의 세포내 도메인의 이외에 하나 또는 복수, 예를 들면, 2개 또는 3개의 세포내 도메인을 포함하는 CAR을 포함한다. 특히 적합하게는, 세포내 도메인으로서 GITR의 세포내 도메인 및 CD3 5의 세포내 도메인을 포함하는 CAR, GITR의 세포내 도메인, CD3 5의 세포내 도메인 및 CD28의 세포내 도메인을 포함하는 CAR이 예시된다. 동일종류의 세포내 도메인을 복수 개 탠덤으로 연결한 CAR도 본 발명에 포함된다. 본 발명의 1형태는 GITR의 세포내 도메인이 CD3 5의 세포내 도메인보다 C말단측에 배치되는 CAR이다. 즉, N말단측에서 CD3 5의 세포내 도메인, GITR의 세포내 도메인의 순으로 연결된 세포내 도메인을 포함하는 CAR이다. 이 CAR에 추가로 CD28의 세포내 도메인을 추가하고, N말단측에서 CD28의 세포내 도메인, CD3 5의 세포내 도메인, GITR의 세포내 도메인의 순으로 연결된 세포내 도메인을 포함하는 CAR, N 말단측에서 차례로 CD3 5의 세포내 도메인, GITR의 세포내 도메인의 순으로 연결된 세포내 도메인의 순으로 연결된 세포 내 도메인을 포함하는 CAR도 본 발명에 포함된다. 본 발명의 다른 형태로서 GITR의 세포내 도메인이 C말단측에 배치되는 CAR도 본 발명에 포함된다.
- [0050] 복수의 세포내 도메인을 포함하는 CAR은 그것들의 세포내 도메인 사이에 올리고펩티드 링커 또는 폴리펩티드 링커를 삽입해서 연결할 수 있다. 바람직하게는 길이가 2~10개의 아미노산으로 이루어지는 링커를 사용할 수 있다. 특히 글리신-세린 연속서열을 가지는 링커를 사용할 수 있다.
- [0051] (c) 막관통 도메인 및 스페이서 도메인
- [0052] 본 발명의 CAR은 막관통 도메인을 포함한다. 막관통 도메인은 천연의 폴리펩티드에 유래하는 것일 수도 있고, 인위적으로 설계한 것일 수도 있다. 천연의 폴리펩티드 유래의 막관통 도메인은 임의의 막결합 또는 막관통 단백질로부터 취득할 수 있다. 예를 들면, T세포 수용체의 α, β쇄, CD3 ζ 쇄, CD28, CD3ε, CD45, CD4, CD5, CD8, CD9, CD16, CD22, CD33, CD37, CD64, CD80, CD86, CD134, CD137, ICOS, CD154, GITR의 막관통 도메인을 사용할 수 있다. 또, 인위적으로 설계된 막관통 도메인은 로이신 및 발린 등의 소수성 잔기를 주로 포함하는 폴리펩티드이다. 또, 페닐알라닌, 트립토판 및 발린의 트리플렛이 합성 막관통 도메인의 각 말단에 발견되는 것이 바람직하다. 경우에 따라서, 짧은 올리고펩티드 링커 또는 폴리펩티드 링커, 예를 들면 길이가 2~10개의 아미노산 서열로 이루어지는 링커를, 막관통 도메인과 상기 (b)의 세포내 도메인 사이에 배치할 수 있다. 특히 글리신-세린 연속서열을 가지는 링커서열을 사용할 수 있다.
- [0053] 본 발명의 1형태로서, 막관통 도메인은 CD28(NCBI RefSeq: NP\_006130.1)의 아미노산번호 153~180(서열번호 24)의 서열을 가지는 막관통 도메인을 사용할 수 있다. 또 다른의 형태로서, GITR(NCBI RefSeq: NP\_004186.1)의 아미노산번호 162~183(서열번호 27)의 서열을 가지는 막관통 도메인을 사용할 수 있다.
- [0054] 본 발명의 CAR은 세포외 도메인과 막관통 도메인 사이, 또는 세포내 도메인과 막관통 도메인 사이에, 스페이서 도메인을 배치할 수 있다. 스페이서 도메인은 막관통 도메인과 세포외 도메인 및/또는 막관통 도메인과 세포내 도메인을 연결하는 작용을 하는 임의의 올리고펩티드 또는 폴리펩티드를 의미한다. 스페이서 도메인은 300개까지의 아미노산, 바람직하게는 10~100개의 아미노산, 가장 바람직하게는 25~50개의 아미노산을 포함한다.
- [0055] 스페이서 도메인은 CAR와 항원의 결합을 촉진하고, 세포내로의 시그널전달을 항진하는 서열인 것이 바람직하다. 결합을 촉진한다고 예상되는 아미노산은 시스테인, 하전 아미노산 또는 잠재적인 글리코실화 부위내의 세린 또

는 트레오닌 등의 아미노산이 예시되고, 스페이서 도메인을 구성하는 아미노산으로서 사용할 수 있다.

- [0056] 스페이서 도메인은 CD8α(NCBI RefSeq: NP\_001759.3)의 힌지 영역인 아미노산번호 118~178(서열번호 23), CD8 β(GenBank: AAA35664.1)의 아미노산번호 135~195, CD4(NCBI RefSeq: NP\_000607.1)의 아미노산번호 315~396, 또는 CD28(NCBI RefSeq: NP\_006130.1)의 아미노산번호 137~152의 전부 또는 일부분을 사용할 수 있다. 또, 스페이서 도메인은 항체H쇄 또는 L쇄의 정상영역의 일부(CH1영역 또는 CL영역, 예를 들면 서열번호 34에 기재되는 아미노산 서열을 가지는 펩티드)도 사용할 수 있다. 추가로, 인공적으로 합성한 서열일 수도 있다.
- [0057] 본 발명의 CAR은 다량체, 특히 2량체가 되도록 설계할 수 있다. 예를 들면, 스페이서 도메인 및/또는 막관통 도메인에 시스테인을 삽입하는 것에 의해, CAR이 다량체화(2량체화) 된다.
- [0058] 또, 본 발명의 CAR은 N말단에 시그녈 펩티드 서열을 연결할 수 있다. 시그녈 펩티드 서열은 많은 분비 단백질, 막 단백질의 N말단에 존재하고, 15~30아미노산의 길이를 갖는다. 세포내 도메인으로서 상기에 예시한 단백질 분자의 대부분은 시그널 펩티드 서열을 가지고 있기 때문에, 이것들의 시그널 펩티드를 본 발명의 CAR의 시그널 펩티드로서 사용할 수 있다.
- [0059] (2) CAR을 코딩하는 핵산
- [0060] 본 발명은 상기 (1)에 기재하는 CAR을 코딩하는 핵산을 제공한다. CAR을 코딩하는 핵산은 특정된 CAR의 아미노산 서열로부터 통상의 방법에 의해 용이하게 제작할 수 있다. 상기에 기재한 각 도메인의 아미노산 서열을 나타내는 NCBI RefSeq ID나 GenBank의 Accession 번호로부터 아미노산 서열을 코딩하는 염기서열을 취득하는 것이 가능하고, 표준적인 분자생물학적 및/또는 화학적 순서를 사용해서 본 발명의 핵산을 제작할 수 있다. 예를 들면, 이들 염기서열을 바탕으로 핵산을 합성할 수 있고, 또, cDNA 라이브러리로부터 폴리머라아제 연쇄반응(PCR)을 사용해서 수득되는 DNA단편을 조합시켜서 본 발명의 핵산을 제작할 수 있다.
- [0061] 본 발명의 핵산은 적당한 프로모터의 제어 하에 발현되도록 다른 핵산과 연결할 수 있다. 프로모터로서는 구성 적으로 발현을 촉진하는 것, 약제 등(예를 들면, 테트라사이클린 또는 독소루비신)에 의해 유도되는 것 등의 어느 것이나 사용할 수 있다. 또, 핵산의 효율이 좋은 전사를 달성하기 위해서, 프로모터 또는 전사 개시부위와 협동하는 다른 조절요소, 예를 들면, 인핸서 서열 또는 터미네이터 서열을 포함하는 핵산을 연결할 수도 있다. 또, 추가로 본 발명의 핵산에 부가해서, 당해 핵산의 발현을 확인하기 위한 마커가 될 수 있는 유전자(예를 들면, 약제내성 유전자, 리포터 효소를 코딩하는 유전자, 또는 형광 단백질을 코딩하는 유전자 등)을 통합할 수도 있다.
- [0062] 본 발명은 본 발명의 핵산을 활성성분으로서, 약학적으로 허용할 수 있는 부형제와 함께 포함하는 조성물을 제공한다. 적합한 약학적으로 허용할 수 있는 부형제는 당업자에게는 잘 알려져 있으며, 예를 들면, 인산완충 생리식염수(예를 들면, 0.01M 인산염, 0.138M NaCl, 0.0027M KCl, pH7.4), 염산염, 브롬화 수소산염, 인산염, 황산염 등의 무기산염을 함유하는 수용액, 생리식염액, 글리콜 또는 에탄올 등의 용액 및 아세트산염, 프로피온산염, 말론산염, 벤조산염 등의 유기산의 염을 포함한다. 습윤제 또는 유화제 등의 보조제, 및 pH완충제도 사용할수 있다. 약학적으로 허용할수 있는 부형제로서는 Remington's Pharmaceutical Sciences(Mack Pub. Co., N. J. 1991)(출전명시에 의해 본 명세서의 일부로 한다.)에 기재되는 것을 적당하게 사용할수 있다. 조성물은 비경구 투여, 예를 들면, 주사 또는 주입에 적합한 공지의 형태로 할수 있다. 추가로 현탁화제, 보존제, 안정화제 및/또는 분산제 등의 제재 보조제, 보존 중의 유효기한을 연장시키기 위해서 보존제를 사용할수 있다. 조성물은 사용 전에 적절한 무균의 액체에 의해 재구성하기 위한 건조형태일수도 있다. 미립자 중개 투여용에는 현미경 사이즈의 금입자 등의 입자 상에 DNA를 코팅할수 있다.
- [0063] 본 발명의 핵산을 생체외에서 세포에 도입하는 경우에는, 본 발명의 핵산은 상기의 부형제에 첨가해서 세포로의 핵산의 이행을 촉진하는 물질, 예를 들면 리포솜, 양이온성 지질(Cationic lipid)과 같은 핵산도입용 시약과 조합시킬 수도 있다. 또, 후술하는 같이 본 발명의 핵산을 지니는 벡터도 유용하다. 특히, 적절한 벡터에 유지된 본 발명의 핵산을 함유하는, 생체로의 투여에 적합한 형태의 조성물은 in vivo 유전자치료에 호적하다.
- [0064] 본 발명의 핵산을 활성성분으로 포함하는 조성물은 그 핵산이 코딩하는 CAR이 결합하는 항원에도 따르지만, 예를 들면, 암[혈액암(백혈병), 고형종양 등], 염증성 질환/자기면역질환(천식, 습진), 간염이나, 인플루엔자, HIV등의 바이러스, 세균, 진균이 원인이 되는 감염성 질환, 예를 들면, 결핵, MRSA, VRE, 심재성 진균증 등의 질환의 치료를 위해서 투여할 수 있다. 본 발명의 핵산을 활성성분으로 포함하는 조성물은 한정하는 것은 아니지만, 비경구 투여, 예를 들면, 주사 또는 주입에 의해, 피내, 근육내, 피하, 복강내, 비강내, 동맥내, 정맥내, 종양내, 또는 수입 림프관내 등에 투여할 수 있다.

- [0065] (3) CAR을 발현하는 세포의 제조방법
- [0066] 본 발명의 CAR을 발현하는 세포의 제조방법은 상기 (2)에 기재하는 CAR을 코딩하는 핵산을 세포에 도입하는 공정을 포함하는 것을 특징으로 한다. 공정은 생체외(ex vivo)에서 실시된다. 예를 들면, 본 발명의 핵산을 포함하는 바이러스 벡터 또는 비바이러스 벡터를 이용하고, 세포를 생체외에서 형질전환 하는 것에 의해 제조할 수있다.
- [0067] 본 발명의 방법은 포유동물, 예를 들면, 인간 유래의 세포 또는 원숭이, 마우스, 랫트, 돼지, 소, 개 등의 비인간 포유 동물유래의 세포를 사용할 수 있다. 본 발명의 방법에 사용되는 세포에 특별하게 한정되지 않고, 임의의 세포를 사용할 수 있다. 예를 들면, 혈액(말초혈, 제대혈 등), 골수 등의 체액, 조직 또는 기관에서 채취, 단리, 정제, 유도된 세포를 사용할 수 있다. 말초혈 단핵세포(PBMC), 면역세포[수지상 세포, B세포, 조혈간세포, 마크로퍼지, 단구, NK세포 또는 혈구계 세포(호중구, 호염기공)], 제대혈 단핵구, 섬유아세포, 전구지방세포, 간세포, 피부 각화세포, 중간엽계 줄기세포, 지방 줄기세포, 각종 암 세포주 또는 신경 줄기세포를 사용할 수 있다. 본 발명에 있어서는, 특히 T세포, T세포의 전구세포(조혈간세포, 림프구전구세포 등) 또는 이 것들을 함유하는 세포집단의 사용이 바람직하다. T세포에는 CD8 양성 T세포, CD4 양성 T세포, 제어성 T세포, 세포상해성 T세포, 또는 종양침윤 림프구가 포함된다. T세포 및 T세포의 전구세포를 함유하는 세포집단에는 PBMC가 포함된다. 상기의 세포는 생체에서다 채취된 것, 그것을 확대 배양한 것, 또는 세포주로서 수립된 것의 어느 것이더라도 좋다. 제조된 CAR을 발현하는 세포 또는 당해 세포에서 분화시킨 세포를 생체에 이식하는 것이 소망되는 경우에는, 그 생체자신 또는 동종의 생체로부터 채취된 세포에 핵산을 도입하는 것이 바람직하다.
- [0068] 본 발명의 CAR을 코딩하는 핵산을 벡터에 삽입하고, 이 벡터를 세포에 도입할 수 있다. 예를 들면, 레트로바이러스 벡터(온코레트로바이러스 벡터, 렌티바이러스 벡터, 슈도타입 벡터를 포함한다.), 아데노바이러스 벡터, 아데노수반바이러스(AAV) 벡터, 시미안바이러스 벡터, 백시니아바이러스 벡터 또는 센다이바이러스 벡터, 앱스타인-바 바이러스(EBV)벡터, HSV벡터 등의 바이러스 벡터를 사용할 수 있다. 상기 바이러스 벡터로서는 감염한세포 중에서 자기복제할 수 없도록 복제능을 결손시킨 것이 호적하다.
- [0069] 또, 리포솜 및 국제공개 제96/10038호 팸플릿, 국제공개 제97/18185호 팸플릿, 국제공개 제97/25329호 팸플릿, 국제공개 제97/30170호 팸플릿 및 국제공개 제97/31934호 팸플릿(모두, 출전명시에 의해 본 명세서의 일부로 하 낟.)에 기재되어 있는 양이온 지질 등의 축합제와의 병용에 의해, 비바이러스 벡터도 본 발명에 사용할 수 있다. 추가로 인산 칼슘 형질이입, DEAE-덱스트란, 일렉트로포레이션, 유전자총에 의해 세포에 본 발명의 핵산을 도입할 수 있다.
- [0070] 예를 들면, 레트로바이러스 벡터를 사용하는 경우, 벡터가 가지고 있는 LTR서열 및 패키징 시그널 서열에 의거 해서 적절한 패키징 세포를 선택하고, 이것을 사용해서 레트로바이러스 입자를 조제해서 실시할 수 있다. 예를 들면, PG13(ATCC CRL-10686), PA317(ATCC CRL-9078), GP+E-86이나 GP+envAm-12(미국특허 제5, 278, 056호), Psi-Crip[미국과학 아카데미 정기 간행물, 제85권, 제6460-6464쪽(1988)]의 패키징 세포가 예시된다. 또, 트랜스펙션 효율이 높은 293 세포나 293T 세포를 사용해서 레트로바이러스 입자를 제작할 수도 있다. 많은 종류의 레트로바이러스를 기초로 제조된 레트로바이러스 벡터 및 당해 벡터의 패키징에 사용 가능한 패키징 세포는 각사에서 널리 시판되고 있다.
- [0071] 핵산을 세포에 도입하는 공정에서, 도입효율을 향상시키는 기능성 물질을 사용할 수도 있다[예를 들면, 국제공 개 제95/26200호 팸플릿, 국제공개 제00/01836호 팸플릿(모두, 출전명시에 의해 본 명세서의 일부로 한다.)]. 도입효율을 향상시키는 물질로서는 바이러스 벡터에 결합하는 활성을 가지는 물질, 예를 들면, 피브로넥틴 또는 피브로넥틴 프래그먼트 등의 물질을 들 수 있다. 적합하게는, 헤파린 결합부위를 가지는 피브로넥틴 프래그먼트, 예를 들면 레트로넥틴(RetroNectin, 등록상표, CH-296, TAKARA BIO INC.)으로 시판되고 있는 프래그먼트를 사용할 수 있다. 또, 레트로바이러스의 세포에의 감염 효율을 향상시키는 작용을 가지는 합성 폴리 양이온인 폴리브렌, 섬유아세포 증식인자, V형 콜라겐, 폴리리신 또는 DEAE-덱스트란을 사용할 수 있다.
- [0072] 본 발명의 호적한 형태에 있어서, 상기의 기능성 물질은 적절한 고상, 예를 들면 세포배양에 사용되는 용기(플레이트, 배양접시, 플라스크 또는 백 등) 또는 담체(마이크로비즈 등)에 고정화된 상태로 사용할 수 있다.
- [0073] (4) CAR을 발현하는 세포
- [0074] 본 발명의 CAR을 발현하는 세포는 상기(3)의 제조방법에 의해, 상기 (2)의 CAR을 코딩하는 핵산이 도입·발현된 세포이다.

- [0075] 본 발명의 세포는 CAR을 통해서 특정한 항원과의 결합에 의해 세포내에 시그널이 전달되고, 활성화된다. CAR을 발현하는 세포의 활성화는 숙주세포의 종류나 CAR의 세포내 도메인에 따라 다르지만, 예를 들면, 사이토카인의 방출, 세포증식율의 향상, 세포표면분자의 변화 등을 지표로 해서 확인할 수 있다. 예를 들면, 활성화된 세포로부터의 세포상해성의 사이토카인(종양괴사인자, 린호트키신 등)의 방출은 항원을 발현하는 표적세포의 파괴를 초래한다. 또, 사이토카인 방출이나 세포표면분자의 변화에 의해, 다른 면역세포, 예를 들면, B세포, 수지상 세포, NK세포, 마크로퍼지 등을 자극한다.
- [0076] CAR을 발현하는 세포는 질환의 치료제로 사용할 수 있다. 그 치료제는 CAR을 발현하는 세포를 활성성분으로 포함하고, 추가로, 적당한 부형제를 포함할 수도 있다. 그 부형제로서는 예를 들면, 본 발명의 핵산을 활성성분으로 포함하는 조성물에 대해서 기재된 상기한 약학적으로 허용할 수 있는 부형제, 여러 세포 배양배지, 등장식염수 등을 들 수 있다. CAR을 발현하는 세포가 투여되는 질환으로서는 당해 세포에 감수성을 나타내는 질환일 수 있으며, 특별하게 한정은 없지만, 예를 들면, 암[혈액암(백혈병), 고형종양 등], 염증성 질환/자기면역질환(천식, 습진), 간염이나, 인플루엔자, HIV등의 바이러스, 세균, 진균이 원인이 되는 감염성 질환, 예를 들면 결핵, MRSA, VRE, 심재성 진균증이 예시된다. 상기의 질환에 있어서 감소 혹은 소실이 소망되는 세포가 가지고 있는 항원, 즉 종양항원, 바이러스항원, 세균항원 등에 결합하는 본 발명의 CAR을 발현하는 세포가 이것들 질환의 치료를 위해서 투여된다. 또, 본 발명의 세포는 골수이식이나 방사선 조사후의 감염증 예방, 재발 백혈병의 관해를 목적으로 한 도너 림프구 수주 등에도 이용할 수 있다. CAR을 발현하는 세포를 활성성분으로 포함하는 치료제는 한정하나 것은 아니지만, 비경구 투여, 예를 들면, 주사 또는 주입에 의해, 피내, 근육내, 피하, 복강내, 비강내, 동맥내, 정맥내, 종양내, 또는 수입 림프관내 등에 투여할 수 있다.

### [0077] 실시예

- [0078] 이하에 실시예를 들어서 본 발명을 더욱 구체적으로 설명하지만, 본 발명은 이하의 실시예만으로 한정되는 것은 아니다.
- [0079] 또, 본 명세서에 기재된 조작 중, 기본적인 조작에 대해서는 2001년, Cold Spring Harbor Laboratory 발행, T. Maniatis et al, 편집, Molecular Cloning: ALaboratoryManual3rded.) (출전명시에 의해 본 명세서의 일부로 한다)에 기재된 방법에 따랐다.

### [0080] 실시예 1: 항CEA-CAR 발현벡터의 제작

- [0081] 우선, pMSCVneo(Clontech사)을 주형으로 서열번호 1에 기재된 3MSCV5 프라이머 및 서열번호 2에 기재된 3MSCV3 프라이머로 PCR를 실시하고, MSCV3' LTR 부위를 증폭했다. 수득된 증폭단편을 제한효소 XhoI와 EcoRI로 절단하고, pM 벡터[Gene Therapy, 제7권, 제797-804쪽(2000)에 기재되어 있는 pM벡터]의 XhoI-EcoRI 사이트에 클로닝하고, pMS-MC를 제작했다. 추가로, pMEI-5 벡터(TAKARA BIO INC.)를 제한효소 MluI와 XhoI로 절단하고, pMS-MC의 MluI-XhoI 사이트에 삽입하고, pMS3-MC를 제작했다. pMS3-MC는 5' 말단으로부터 차례로 MMLV 유래의 5'LTR, MMLV 유래의 SD, MMLV 유래의 ψ, 인간 EF1 a 유전자 유래의 SA, U3영역은 MSCV 유래이고, 나머지의 영역은 MMLV 유래의 3'LTR을 포함한다.
- [0082] 도 1A, B에 나타나 있는 바와 같이 서열번호 3에 나타내는 염기서열의 인공합성 유전자(도 1A 중, 항CEA-28z-CAR라고 표기한다.) 및, 서열번호 4에 나타내는 염기서열의 인공합성 유전자(도 1B 중, 항CEA-228-CAR라고 표기한다.)를 제작했다. 이것들의 인공합성 유전자는 암 항원 CEA(carcinoembryonic antigen)와 결합하는 항CEA 모노클로널 항체의 scFv(아미노산 서열을 서열번호 22에 기재한다.), 서열번호 23에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 CD8 a 쇄 한지 도메인, 서열번호 24에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 CD28 막관통 도메인, 서열번호 25에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 CD3 및 세포내 도메인으로 이루어지는 1분자의 키메라 단백질을 코딩한다. 도 1에 있어서, 항CEA 모노클로널 항체의 scFv를 「CEA-scFv」, 한지 도메인을 「CD8 hinge」, 막관통 도메인을 「CD28 TM」, CD28의 세포내 도메인을 「CD28 ICD(IntraCellular Domain)」, CD3 및 세포내 도메인을 「CD3 및」, 말단반복서열을 「LTR」, 스플라이스 도너 서열을 「SD」, 스플라이스 억셉터 서열을 「SA」, 패키징 시그널 서열을 「및」라고 표시한다. 이것들의 인공합성 유전자를 포함하는 핵산단편을 BglII-BamHI로 소화한 pMS3-MC 벡터에 클로닝하고, CD28 세포내 도메인이 CD3 및 세포내 도메인에 대해서 N말단측에 배치되는 CAR을 발현하는 pMS3-CEA-28z-CAR 벡터를 제작했다. 반대로, CD3 및 세포내 도메인에 CD28 세포내 도메인에 대해서 N말단측에 배치되는 CAR을 발현하는 pMS3-CEA-28c-CAR

벡터를 제작했다.

### [0083] 실시예 2: GITR 유전자를 탑재한 CAR 발현벡터의 제작

- [0084] 서열번호 5에 나타내는 인공합성 유전자를 제작했다. 이 인공합성 유전자는 서열번호 27에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 GITR 막관통 도메인 및 서열번호 28에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 GITR 세포내 도메인을 코딩한다. 이 인공합성 유전자를 주형으로 하고, 서열번호 6에 나타내는 28TM-G-F 프라이머와 서열번호 7에 나타내는 G-z-R프라이머를 사용한 PCR를 실시해서 증폭 DNA단편 A를, 서열번호 8에 나타내는 z-G-F프라이머와 서열번호 9에 나타내는 G-MC-R 프라이머를 사용한 PCR를 실시해서 증폭 DNA단편 B를, 서열번호 10에 나타내는 28SD-G-F 프라이머와 서열번호 7에 나타내는 G-z-R 프라이머를 사용한 PCR를 실시해서 증폭 DNA단편 C를, 서열번호 11에 나타내는 hinge-G-F 프라이머와 서열번호 12에 나타내는 G-28SD-R 프라이머를 사용한 PCR를 실시해서 증폭 DNA단편 D를, 서열번호 8에 나타내는 z-G-F 프라이머와 서열번호 13에 나타내는 G-28SD-R2 프라이머를 사용한 PCR를 실시해서 증폭 DNA단편 E를 각각 얻었다.
- [0085] 실시예 1에서 제작한 pMS3-CEA-28z-CAR 벡터를 주형으로 하고, 서열번호 14에 나타내는 28TM-R 프라이머와 서열 번호 15에 나타내는 z-F 프라이머를 사용한 PCR를 실시했다. 이렇게 해서 수득된 증폭산물에, In-Fusion Advantage PCR Cloning Kit(Clontech사)를 사용해서 증폭 DNA단편 A를 클로닝하고, pMS3-CEA-Gz-CAR 벡터를 제 작했다.
- [0086] 이하 마찬가지로, 실시예 1에서 제작한 pMS3-CEA-z28-CAR 벡터를 주형으로 하고, 서열번호 16에 나타내는 z-R프라이머와 서열번호 17에 나타내는 END-MC-F 프라이머를 사용한 PCR를 실시했다. 이렇게 해서 수득된 증폭산물에 증폭 DNA단편 B를 클로닝하고, pMS3-CEA-zG-CAR 벡터를 제작했다. 이 벡터가 발현하는 CEA-zG-CAR의 아미노산서열을 서열번호 29에 나타낸다.
- [0087] pMS3-CEA-28z-CAR 벡터를 주형으로 하고, 서열번호 18에 나타내는 28SD-R 프라이머와 서열번호 15에 나타내는 z-F 프라이머를 사용한 PCR를 실시했다. 이렇게 해서 수득된 증폭산물에 증폭 DNA단편 C를 클로닝하고, pMS3-CEA-28Gz-CAR 벡터를 제작했다.
- [0088] pMS3-CEA-28z-CAR 벡터를 주형으로 하고, 서열번호 19에 나타내는 hinge-R 프라이머와 서열번호 20에 나타내는 28SD-F 프라이머를 사용한 PCR를 실시했다. 이렇게 해서 수득된 증폭산물에 증폭 DNA단편 D를 클로닝하고, pMS3-CEA-G28z-CAR 벡터를 제작했다.
- [0089] pMS3-CEA-z28-CAR 벡터를 주형으로 하고, 서열번호 16에 나타내는 z-R 프라이머와 서열번호 21에 나타내는 28SD-F2 프라이머를 사용한 PCR를 실시했다. 이렇게 해서 수득된 증폭산물에 증폭 DNA단편 E를 클로닝하고, pMS3-CEA-zG28-CAR 벡터를 제작했다. 이 벡터가 발현하는 CEA-zG28-CAR의 아미노산 서열을 서열번호 30에 나타 낸다.
- [0090] pMS3-CEA-28z-CAR 벡터를 주형으로 하고, 서열번호 16에 나타내는 z-R 프라이머와 서열번호 17에 나타내는 END-MC-F 프라이머를 사용한 PCR를 실시했다. 이렇게 해서 수득된 증폭산물에 증폭DNA단편 B를 클로닝하고, pMS3-CEA-28zG-CAR 벡터를 제작했다.
- [0091] 제작한 각 벡터가 발현하는 CAR의 구조는, 도 2에 나타나는 구조(2)~(9)에 대응한다. 즉, pMS3-CEA-28z-CAR 벡터는 (2) 28z, pMS3-CEA-z28-CAR 벡터는 (3) z28, pMS3-CEA-Gz-CAR 벡터는 (4) Gz, pMS3-CEA-zG-CAR 벡터는 (5) zG, pMS3-CEA-28gz-CAR 벡터는 (6) 28gz, pMS3-CEA-G28z-CAR 벡터는 (7) G28z, pMS3-CEA-zG28-CAR 벡터는 (8) zG28, pMS3-CEA-28zG-CAR 벡터는 (9) 28zG의 구조를 가지는 CAR을 발현한다.

#### [0092] 실시예 3: 레트로바이러스 용액의 제작

- [0093] 실시예 1 및 2에서 제작한 플라스미드 벡터에 의해 대장균 JM109를 각각 형질전환하고, 형질전환체를 얻었다. 이것들 형질전환체가 가지는 플라스미드 DNA를 QIAGEN Plasmid Midi Kit(Qiagen사)를 사용해서 각각 정제하고, 트랜스펙션용 DNA로 해서 이하의 조작에 적용했다.
- [0094] 조제한 트랜스펙션용 DNA의 각각과 Retorovirus Packaging Kit Eco(TAKARA BIO INC.)에 함유되는 pGP 벡터, pEeco 벡터를 293T 세포에 각각 트랜스펙트했다. 이 조작은 상기 키트의 제품 프로토콜에 따라서 수행했다. 수 득된 형질도입세포의 각각에서 에코트로픽 바이러스를 함유하는 상청액을 획득하고, 0.45μm 필터(MilexHV,

Millipore사)로 여과했다. 이 상청액을 사용해서, 폴리브렌을 사용하는 방법에 의해 PG13 세포(ATCCCRL-10686)에 에코트로픽 바이러스를 감염시켰다.수득된 세포의 배양 상청액을 회수하고, 0.45년 필터에 의해 여과하고, 항CEA-CAR 발현용 레트로바이러스 용액으로 했다. 각 바이러스는 발현하는 CAR의 구조로부터 각각 (2) CEA-28z, (3) CEA-z28, (4) CEA-Gz, (5) CEA-zG, (6) CEA-28Gz, (7) CEA-G28z, (8) CEA-zG28, (9) CEA-28zG라고 명명했다.

### [0095] 실시예 4: 인간 PBMC로의 항CEA-CAR 레트로바이러스의 감염1

[0096]

설명과 동의를 얻고 채취된 인간 말초혈에서 분리한 말초혈 단핵구(PBMC)에, 실시예 3에서 제작한 각 항CEA-CAR 발현용 레트로바이러스 용액을, 레트로넥틴(등록상표, TAKARA BIO INC.)을 사용한 표준적인 방법으로 2회 감염시시키고, 항CEA-CAR 발현 PBMC를 각각 제작했다. 각 레트로바이러스 용액에 대해서 3군의 PBMC를 준비하고, 2배, 4배, 8배의 3단계로 희석한 레트로바이러스 용액을 사용해서 감염을 실시했다. 2회째의 바이러스감염으로부터 5일 후의 세포에서 FastPure DNA Kit(TAKARA BIO INC.)를 사용해서 게놈 DNA를 추출하고, Provirus Copy Number Detection PrimerSet, Human(TAKARA BIO INC.)과 CycleavePCR Core Kit(TAKARA BIO INC.)를 사용해서, 게놈에 통합된 레트로바이러스 카피수의 측정을 실시했다.

[0097] 또, 2회째의 바이러스감염으로부터 3일 후의 세포에 Biotin-Labeling Kit-NH<sub>2</sub>(DOJINDO LABORATORIES)에 의해 비오틴 표지한 CEA 단백질을 첨가한 후, 스트랩타아비딘-PE(피코에리트린: Becton Dickinson사) 및 FITC 표지 항 Human CD8 항체(Becton Dickinson사)에 의해 염색했다. 플로우 사이토미터를 사용해서, 염색후의 세포에 대해서, FITC 양성세포 중의 PE 양성인 세포의 비율, 즉 CD8 양성세포 중의 CEA에 결합하는 CAR이 양성인 세포의 비율을 측정했다. 또, 형광색소PE의 평균 형광강도를 측정했다. 평균 형광강도는 항CEA-CAR 양성세포에 있어서의, 항CEA-CAR의 발현량을 반영하고 있다.그 결과, 어느쪽의 세포에 있어서도 세포표면의 CAR이 양성인 것임을 확인했다. 특히, (5) CEA-zG을 감염시킨 세포는 (4) CEA-Gz를 감염시킨 세포에 비해서 항CEA-CAR의 양성율및 평균 형광강도가 높았다. (2) CEA-28z, (3) CEA-z28, (5) CEA-zG를 감염시킨 세포에 대해서, 도 3에 항 CEA-CAR 양성율(종축)과 게놈에 통합된 레트로바이러스 카피수(횡축)의 관계를 나타내고, 도 4에 비오틴 표지한 CEA단백질이 양성인 세포에 유래하는 PE의 평균 형광강도(종축)과 게놈에 통합된 레트로바이러스 카피수(홍축)의 관계를 나타낸다. 도 3 및 도 4에 나타나 있는 바와 같이, 항CEA-zG-CAR을 도입한 PBMC[(5) CEA-zG]는 GITR 세포내 도메인을 가지고 있지 않은 다른 항CEA-CAR도입 PBMC과 비교해서, 높은 항CEA-CAR 양성율이 수득되고, 또, 항CEA-CAR의 발현량도 높은 것임을 알 수 있었다.

### [0098] 실시예 5: 인간 PBMC로의 항CEA-CAR 레트로바이러스의 감염2

[0099] 사전동의를 얻고 채취된 인간 PBMC에, 실시예 3에서 제작한 항CEA-CAR 발현용 레트로바이러스 용액 중, (2) CEA-28z를 4배, 6배, 8배 희석, (5) CEA-zG을 원액, 2배, 4배 희석, (9) CEA-28zG 또는 (8) CEA-zG28을 2배, 4배, 8배 희석하고, 레트로넥틴(등록상표, TAKARA BIO INC.)을 사용한 표준적인 방법으로 2회 감염을 실시하고, 항CEA-CAR 발현 PBMC를 각각 제작했다. 2회째의 바이러스감염 6일 후에 세포를 회수하고, 실시예 4와 동일하게 해서 게놈에 통합된 바이러스 카피수의 측정을 실시했다. 비교적 레트로바이러스 카피수가 가까운 각 항CEA-CAR 발현세포[(2) CEA-28z: 0.27카피, (5) CEA-zG: 1.3카피, (9) CEA-28zG: 0.81카피, (8) CEA-zG28: 0.65카피]를 선택하고, 실시예 4와 동일하게 염색한 세포에 대해서, CD8양성세포 중의 항CEA-CAR이 양성인 세포의 비율 및 PE의 평균 형광강도를 측정했다. 도 5에 항CEA-CAR의 양성율을 나타내고, 도 6에 당해 양성세포의 PE 평균 형광 강도를 나타낸다. 도 5 및 도 6에 나타나 있는 바와 같이, (5) CEA-zG, (9) CEA-28zG 및 (8) zG28을 감염시킨 세포는, (2) CEA-28z를 감염시킨 세포와 비교해서, 항CEA-CAR을 발현하는 세포의 비율이 높고, 또, 항CEA-CAR의 발현량도 높은 것임을 알 수 있었다.

[0100] 또, 2회째의 바이러스감염 11일 후에 세포를 회수하고, 96-well 플레이트에서 Calsein release assay에 의해 세포상해활성을 측정했다. Calsein-AM(DOJINDO LABORATORIES)을 통합시킨 CEA 양성세포주 MKN-45 및 CEA 음성세포주 MKN-1(모두, RIKEN BioResource Center로부터 입수 가능)을 1.0×10<sup>5</sup>cells/mℓ가 되도록 현탁한 후, 1웰당 100ℓℓ 첨가했다. 또, 상기 항CEA-CAR 도입 PBMC 및 컨트롤로서 벡터를 도입하지 않았던 PBMC(NGMC)를 현탁하고, ET비가 30, 10, 3, 1이 되도록 100ℓℓ 첨가했다. PBMC 대신에, Low control로서 배지를, High control로서 0.1% Triton X-100을 100ℓℓ 첨가하는 웰을 준비했다. 세포 및 컨트롤을 조제한 후, 96-well 플레이트를 5.0% CO₂가스

로 평형화한  $37^{\circ}$ CO<sub>2</sub> 인큐베이터 중에서 4시간 보온했다. 이어서, 상청액  $100\mu$ 에 대해서  $\lambda_{ex}$ =490nm,  $\lambda_{em}$ =515nm으로 형광강도를 측정하고, 방출 Calsein량을 측정했다. 세포상해활성(Lysis)을 하기 식에 의해 산출한 결과를 도 7에 나타낸다.

- [0101] 세포상해활성(%) = 100×(각 웰의 측정값 Low control의 측정값) / (High control의 측정값 Low control의 측정값)
- [0102] 도 7에 나타나 있는 바와 같이, CEA 양성세포주 MKN-45에 있어서 항CEA-CAR을 도입한 PBMC에 의한 세포상해활성이 인정되었다. 특히, (5) CEA-zG도입 PBMC, (9) CEA-28zG 도입 PBMC 및 (8) CEA-zG28 도입 PBMC에서 강한 세포상해활성이 수득되고, GITR의 세포내 도메인을 가지는 CAR이 암의 처치에 있어서 유용한 것임이 나타났다.
- [0103] 실시예 6: CEA-zG28의 재 제작, 및, 레트로바이러스 용액의 제작
- [0104] 실시예 5에서 사용한 CEA-zG28의 CD28 세포내 도메인의 코드영역에 프레임 시프트가 발견되었기 때문에, 이 프레임 시프트를 수복한 플라스미드 DNA를 제작하고, QIAGEN Plasmid Midi Kit(Qiagen사)를 사용해서 정제했다. 이 정제 플라스미드 DNA를 트랜스펙션용 DNA로 해서 실시예 3과 동일한 방법으로 바이러스 용액을 조제했다. 수 득된 레트로바이러스 용액을 (8) CEA-zG28\_r이라고 명명했다.
- [0105] 실시예 7: 인간 PBMC로의 항CEA-CAR 레트로바이러스 벡터의 감염3
- [0106] 사전동의를 얻고 채취된 인간 PBMC에, 실시예 6에서 제작한 (8) CEA-zG28\_r 및 (9) CEA-28zG를 원액, 2배, 4배 희석, 8배 희석하고, 실시예 4와 동일하게 해서 인간 PBMC에 감염시킨 후, 게놈에 통합된 바이러스 카피수의 측정과, CD8 양성세포 중의 항CEA-CAR이 양성인 세포의 비율 및 PE의 평균 형광강도를 측정했다. 도 8에 카피수에 대한 항CEA-CAR의 양성율을 나타내고, 도 9에 카피수에 대한 PE 평균 형광강도를 나타낸다. 도 8 및 도 9에 나타나 있는 바와 같이, (8) CEA-zG28\_r을 감염시킨 세포는 항CEA-CAR을 발현하는 것임을 확인했다.
- [0107] 또, 2회째의 바이러스감염 6일 후에 비교적 레트로바이러스 카피수가 가까운 각 항CEA-CAR 발현세포[(9) CEA-28zG: 2.22카피, (8) CEA-zG28\_r: 2.12카피]를 선택하고, 세포를 회수하고, 실시예 5와 동일하게, CEA 양성세 포주 MKN-45 및 CEA 음성세포주 MKN-1에 대한 세포상해활성을 측정했다. 그 결과를 도 10에 나타낸다. 도 10에 나타나 있는 바와 같이, CEA 양성세포주 MKN-45에 있어서, 어느 쪽의 항CEA-CAR을 도입한 PBMC에서도 동등한 세포상해활성이 인정되었다.
- [0108] 실시예 8: 인간 PBMC로의 항CEA-CAR 레트로바이러스 벡터의 감염4
- [0109] 실시예 3에서 제작한 (5) CEA-zG 및 (9) CEA-28zG을 원액, 2배, 4배 희석, 8배 희석한 희석액, (2) CEA-28z를 원액, 2배, 4배, 8배, 16배 희석한 희석액을 각각 조제했다. 사전동의를 얻고 채취된 인간 PBMC에 대해서, 이것들의 레트로바이러스 벡터 희석액과 레트로넥틴(등록상표)을 사용한 표준적인 방법으로 2회 감염을 실시하고, 항CEA-CAR 발현 PBMC를 각각 제작했다. 2회째의 바이러스감염 5일 후에 세포를 희수하고, 실시예 4에 기재된 방법에 의해 게놈에 통합된 바이러스 카피수를 측정하는 동시에, CD8 양성세포 중의 항CEA-CAR이 양성인 세포의비율 및 PE의 평균 형광강도를 측정했다. 도 11에 카피수에 대한 항CEA-CAR의 양성율을 나타내고, 도 12에 카피수에 대한 PE 평균 형광강도를 나타낸다. 도 11 및 도 12에 나타나 있는 바와 같이, 카피수에 대한 항CEA-CAR을 발현하는 세포의 비율은 어느 것이나 동등하고, 카피수에 대한 PE의 평균 형광강도, 즉 발현량은 (5) CEA-zG가가장 높았다.
- [0110] 또, 2회째의 바이러스감염 6일 후에 세포를 회수하고, 96-well 플레이트에서 세포내 사이토카인의 염색을 아래와 같이 실시했다. 세포내 수송 저해제 Brefeldin A(Sigma Corporation)를 포함하는 배지에서 상기 항CEA-CAR 도입 PBMC를  $1.0 \times 10^6 \text{cells/ml}$ 가 되도록 현탁한 현탁액을, 상기 플레이트의 1웰당  $100\mu$ l 첨가했다. 또, CEA 양성세포주 MKN-45의  $1.0 \times 10^6 \text{cells/ml}$  현탁액을  $100\mu$ l 첨가하고, 5시간 공배양시켰다. 공배양시킨 세포를 APCcy7표지 항Human CD8 항체(Becton Dickinson)에 의해 염색한 후, IntraPrep Reagent(Beckman Coulter Inc.) 처리를 실시하고, PE 표지 항Human IFN 및 항체(Beckman Coulter Inc.) 및 APC 표지 항Human TNF a 항체 (eBioscience사)에 의해 염색을 실시했다. 플로우 사이토미터를 사용해서, 염색후의 세포에 대해서, CD8 양성세포 중의 IFN 및 생산세포의 비율과 형광색소PE의 평균 형광강도를 측정하고, 또, CD8 양성세포 중의 TNF a 생산

세포의 비율과 형광색소APC의 평균 형광강도를 측정했다. 평균 형광강도는 항CEA-CAR 양성세포에 있어서의 IFN y 및 TNF a의 세포내 사이토카인량을 반영하고 있다.

- [0111] 도 13에 레트로바이러스의 카피수(횡축)에 대한, IFN y 생산세포율(종축)의 관계를 나타내고, 도 14에 레트로바이러스의 카피수(횡축)에 대한 PE 평균 형광강도(종축)의 관계를 나타낸다. 도 13에 나타나 있는 바와 같이, IFN y 생산율은 (2) CEA-28z에 비해 (9) CEA-28zG가 낮음에도 불구하고, 도 14에 나타나 있는 바와 같이, (9) CEA-28zG의 IFN y 생산량은 (2) CEA-28z와 동등한 것임이 확인되었다. 즉, IFN y 생산세포에서의 IFN y 생산량은 (9) CEA-28zG 도입세포가 높아졌다.
- [0112] 또, 마찬가지로 도 15에 레트로바이러스의 카피수(횡축)에 대한, TNF a 생산세포율(종축)의 관계를 나타내고, 도 16에 레트로바이러스의 카피수(횡축)에 대한 APC평균 형광강도(종축)의 관계를 나타낸다. 도 15에 나타나 있는 바와 같이, TNF a 생산량은 (9) CEA-28zG는 (2) CEA-28z보다도 하회함에도 불구하고, 도 16에 나타나 있는 바와 같이, TNF a 생산량은 (9) CEA-28zG가 상회했다. 즉, IFN y 와 마찬가지로, TNF a 생산세포에서의 IFN y 생산량은 (9) CEA-28zG 도입세포가 높다는 결과가 되었다.
- [0113] 이상으로부터, CD28의 세포내 도메인을 가지는 CAR에 추가로 GITR의 세포내 도메인을 탑재시키는 것에 의해, 사이토카인 생산능이 증강된 세포를 제조하는 것이 가능하게 되는 것이 나타났다.

#### [0114] 실시예 9: 항EGFR-CAR 발현 레트로바이러스 벡터의 제작

[0115] 서열번호 31에 나타내는 염기서열의 인공합성 유전자를 제작했다. 이 인공합성 유전자는 항EGFR-CAR인 EGFR-z, 즉, 서열번호 32에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 인간 IgG 리더서열, 서열번호 33에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 암 항원 EGFR(Epidermal Growth Factor Receptor)과 결합하는 항EGFR 모노클로널 항체의 scFv, 서열번호 34에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 인간 IgG-LC(경쇄 정상영역) 도메인, 서열번호 24에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 CD28 막관통 도메인, 서열번호 26에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 CD3 ¼ 세포내 도메인으로 이루어지는 1분자의 키메라 단백질을 코딩한다. 이 인공합성 유전자를 포함하는 핵산단편을 NotI-XhoI로 소화한 pMS3-MC 벡터에 클로닝하고, 세포내 도메인으로서 CD3 ¼ 세포내 도메인만을 가지는 (1) EGFR-z를 발현하는 pMS3-EGFR-LC-z-CAR을 제작했다. 또, 그 CAR의 구조는 도 2 중의 (1)에 대응한다.

#### [0116] 실시예 10: GITR 유전자를 탑재한 항EGFR-CAR 발현벡터의 제작

[0117] 실시예 9에서 제작한 pMS3-EGFR-LC-z-CAR을 기초로, 서열번호 35에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 (2) EGFR-28z를 발현하는 pMS3-EGFR-LC-28z-CAR을 제작했다. 이하 마찬가지로, 서열번호 36에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 (5) EGFR-zG을 발현하는 pMS3-EGFR-LC-zG-CAR, 서열번호 37에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 (9) EGFR-28zG을 발현하는 pMS3-EGFR-LC-28zG-CAR, 서열번호 38에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 (10) EGFR-z28G을 발현하는 pMS3-EGFR-LC-z28G-CAR, 서열번호 39에 기재하는 아미노산 서열을 가지는 (7) EGFR-G28z를 발현하는 pMS3-EGFR-LC-g28z-CAR을 제작했다. 이것들의 CAR의 구조는 각각, 도 2 중의 (2), (5), (9), (7) 및 (10)에 대응한다.

#### [0118] 실시예 11: 레트로바이러스 용액의 제작

[0119] 실시예 9 및 10에서 제작한 플라스미드 벡터로부터, 실시예 3과 동일한 방법으로 바이러스 용액을 조제했다. 각 바이러스는 발현하는 CAR의 구조로부터 각각 (1) EGFR-z, (2) EGFR-28z, (5) EGFR-zG, (9) EGFR-28zG, (10) EGFR-z28G, (7) EGFR-G28z라고 명명했다.

#### [0120] 실시예 12: 인간 PBMC로의 항EGFR-CAR 레트로바이러스 벡터의 감염

- [0121] 사전동의를 얻고 채취된 인간 PBMC에, 실시예 11에서 제작한 각 바이러스 용액을, 원액, 2배, 4배, 8배 희석하고, 레트로넥틴(등록상표)을 사용한 표준적인 방법으로 2회 감염을 실시하고, 항EGFR-CAR 발현 PBMC를 각각 제작했다.
- [0122] 2회째의 바이러스감염 5일 후의 세포에, C말단이 His-tag 변형된 Recombinant Human EGFR(SinoBiological사)을

점가한 후, 비오틴 표지 항His-tag 항체(Miltenyi Biotec K.K.)을 첨가했다. 그 후에 스트렙타아비딘-PE(피코에 리트린: Becton Dickinson사) 및 FITC표지 항Human CD8 항체(Becton Dickinson사)에 의해 염색했다. 플로우 사이토미터를 사용하고, 염색후의 세포에 대해서, FITC 양성세포 중의 PE 양성인 세포의 비율, 즉 CD8 양성세포 중의 EGFR에 결합하는 CAR이 양성인 세포의 비율을 측정했다. 또, 형광색소 PE의 평균 형광강도를 측정했다. 추가로, 2회째의 바이러스감염 5일 후에 세포를 회수하고, 실시예 4와 동일하게 해서 게놈에 통합된 바이러스 카피수를 측정했다. 도 17에 레트로바이러스의 카피수에 대한 항EGFR-CAR의 양성세포율을 나타내고, 도 18에 레트로바이러스의 카피수에 대한 PE 평균 형광강도를 나타낸다. 도 17 및 도 18에 나타나 있는 바와 같이, 전부의 항EGFR-CAR의 발현이 확인되었다.

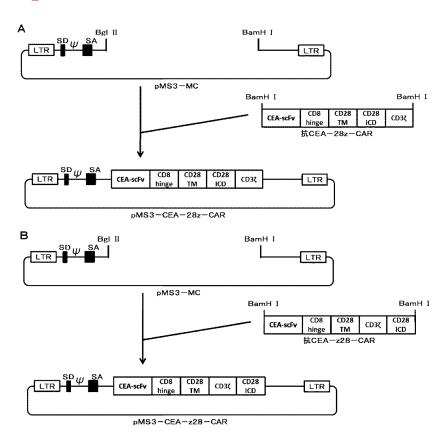
- [0123] 또, 2회째의 바이러스감염 6일 후에 세포를 회수하고, EGFR 양성세포주 Hela를 사용한 이외는 실시예 8과 동일하게 하여 세포내 사이토카인의 염색을 실시했다. 추가로, IFN y 및 TNF a 에 첨가해서, FITC 표지 항Human IL-2(Becton Dickinson사)에 의한 IL-2의 염색을 실시했다. 플로우 사이토미터를 사용하고, 염색후의 세포에 대해서, 각 사이토카인의 생산세포의 비율과 형광색소의 평균 형광강도를 측정했다. 평균 형광강도는 항CEA-CAR 양성세포에 있어서의 IL-2, IFN y 및 TNF a의 세포내 사이토카인량을 반영하고 있다.
- [0124] 도 19에 레트로바이러스의 카피수(횡축)에 대한, 각 사이토카인 생산세포율(종축)의 관계를 나타내고, 도 20에 레트로바이러스의 카피수(횡축)에 대한 평균 형광강도(각 사이토카인 생산량)(종축)의 관계를 나타낸다. 도 19, 도20에 나타나 있는 바와 같이, GITR의 세포내 도메인을 탑재한 CAR은 CAR의 발현량에 대한 사이토카인 생산량이 높은 경향이 확인되었다.
- [0125] (산업상의 이용 가능성)
- [0126] 본 발명에 의해, 표적으로 하는 항원에 특이적으로 결합하고, 표적으로 하는 세포에 대한 높은 세포상해활성을 세포에 부여하는 CAR, 당해 CAR을 코딩하는 핵산 및 당해 CAR을 발현하는 세포가 제공된다. 이것들의 CAR, 핵산, 세포는 종양항원 등의 항원을 표적으로 한 양자면역 유전자치료의 분야에 있어서 유용하다.
- [0127] 서열목록 프리텍스트
- [0128] SEQ ID NO:1: 3MSCV5 primer
- [0129] SEQ ID NO:2: 3MSCV3 primer
- [0130] SEQ ID NO:3: Anti CEA-28z-CAR fragment sequence
- [0131] SEQ ID NO:4: Anti CEA-z28-CAR fragment sequence
- [0132] SEQ ID NO:5: GITR transmembrane region and cytoplasmic domain coding sequence
- [0133] SEQ ID NO:6: 28TM-G-F primer
- [0134] SEQ ID NO:7: G-z-R primer
- [0135] SEQ ID NO:8: z-G-F primer
- [0136] SEQ ID NO:9: G-MC-R primer
- [0137] SEQ ID NO:10: 28SD-G-F primer
- [0138] SEQ ID NO:11: hinge-G-F primer
- [0139] SEQ ID NO:12: G-28SD-R primer
- [0140] SEQ ID NO:13: G-28SD-R2 primer
- [0141] SEQ ID NO:14: 28TM-R primer
- [0142] SEQ ID NO:15: z-F primer
- [0143] SEQ ID NO:16: z-R primer
- [0144] SEQ ID NO:17: END-MC-F primer

```
[0145]
            SEQ ID NO:18: 28SD-R primer
[0146]
            SEQ ID NO:19: hinge-R primer
[0147]
            SEQ ID NO:20: 28SD-F primer
[0148]
            SEQ ID NO:21: 28SD-F2 primer
[0149]
            SEQ ID NO:22: Anti CEA scFv
[0150]
            SEQ ID NO:23: Human CD8 alpha chain hinge domain
[0151]
            SEQ ID NO:24: Human CD28 transmembrane domain
[0152]
            SEQ ID NO:25: Human CD28 cytoplasmic domain
[0153]
            SEQ ID NO:26: Human CD3 zeta chain cytoplasmic domain
[0154]
            SEQ ID NO:27: Human GITR transmembrane domain
[0155]
            SEQ ID NO:28: Human GITR cytoplasmic domain
[0156]
            SEQ ID NO:29: Anti CEA-zG-CAR sequence
[0157]
            SEQ ID NO:30: Anti CEA-zG28-CAR sequence
[0158]
            SEQ ID NO:31: Anti EGFR-LC-z-CAR coding sequence
[0159]
            SEQ ID NO:32: Human IgG leaders equence
[0160]
            SEQ ID NO:33: Anti EGFR monoclonal antibody scFvs equence
[0161]
            SEQ ID NO:34: Human IgG CL sequence
[0162]
            SEQ ID NO:35: Anti EGFR-28z-CAR sequence
[0163]
            SEQ ID NO:36: Anti EGFR-zG-CAR sequence
            SEQ ID NO:37: Anti EGFR-28zG-CAR sequence
[0164]
[0165]
            SEQ ID NO:38: Anti EGFR-z28G-CAR sequence
```

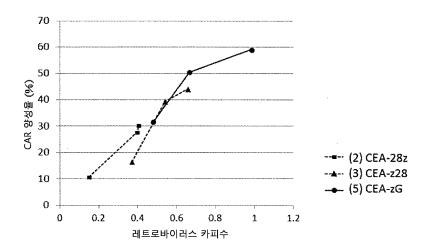
SEQ ID NO:39: Anti EGFR-G28z-CAR sequence

[0166]

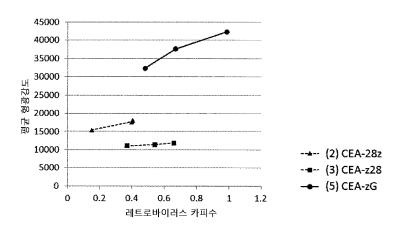
## 도면1

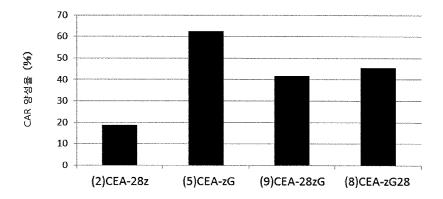


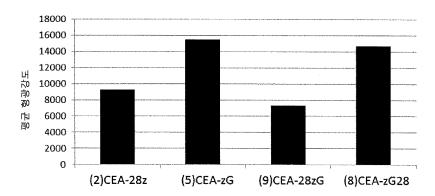
scFv	Spacer	CD28	CD3ζ			(1) z
L	domain	TM				(1)
	Spacer	CD28	CD28			(-)
scFv	domain	TM	ICD	CD37	•	(2) 28z
·	Ι		1	1	=	
scFv	Spacer	CD28	CD37	CD.	1	(3) z28
	domain	TM	<u>'</u>	IC.	<u> </u>	(3) 220
	Spacer	CD28	GITR		$\neg$	
scFv	domain	TM	ICD	CD3		(4) Gz
		<b>.</b>			=	
scFv	Spacer	CD28	CD3Z	GI	rr	(5) zG
30.7	domain	TM	055,	IC	<u> </u>	(3) 20
	Spacer	CD28	CD28	GITR		
scFv	domain	TM	ICD	ICD	CD37	(6) 28Gz
	domain	1 1141	ico	ico		
scFv	Spacer	GITR	GITR	CD28	CD3Z	(7) G28z
SCFV	domain	TM	ICD	ICD	CDSÇ	(1) 0202
	Spacer	CD28		GITE	R CD28	
scFv	domain	TM	CD3ζ	ICD	1 1	(8) zG28
<u> </u>	domain	1341		ICD	ICD	
scFv	Spacer	CD28	CD28	CD3Z	GITR	(9) 28zG
SCPV	domain	TM	ICD	CD3ζ	ICD	(3) 2020
scFv	Spacer	CD28	CD37	CD2		(10) z28G
""	domain	TM	υυσς	ICD	ICD	(10) 2200



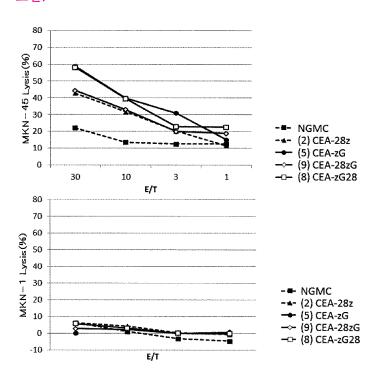
# 도면4

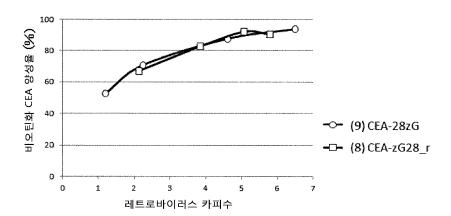


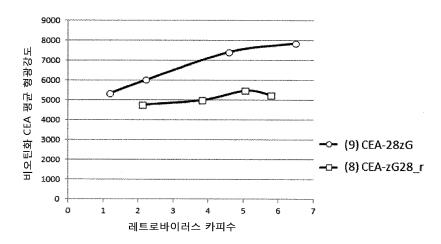


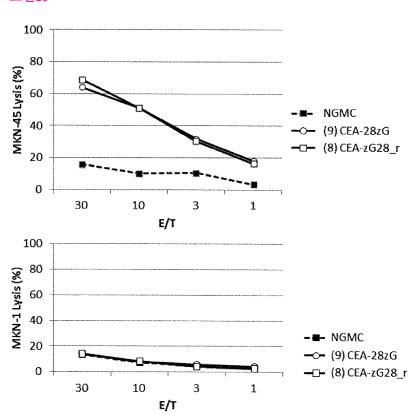


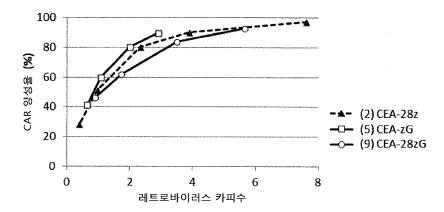
## 도면7



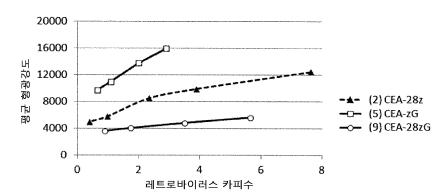




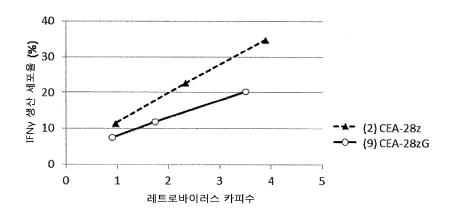


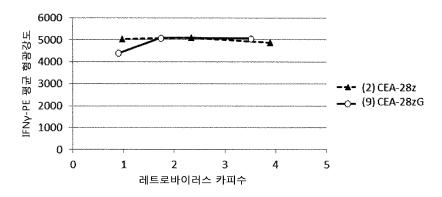


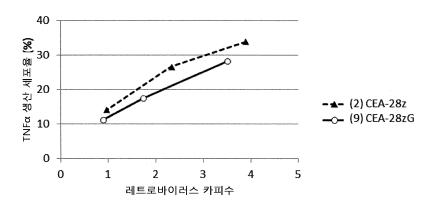
# 도면12



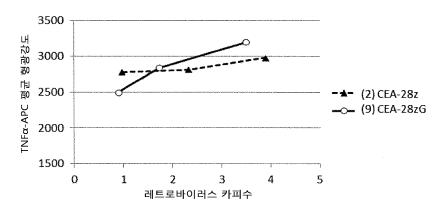
## 도면13

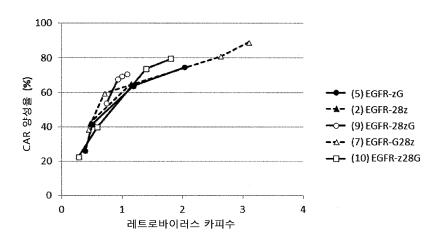


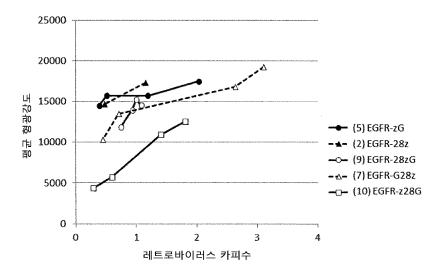


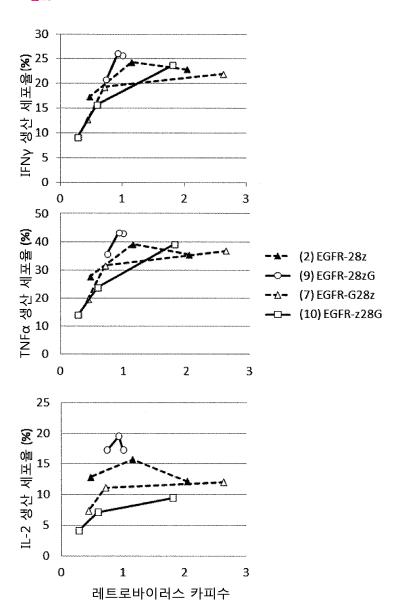


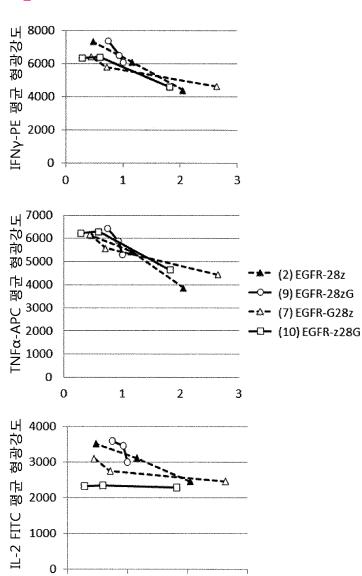
# 도면16











### 서 열 목 록

0 + 0

1

SEQUENCE LISTING

3

2

레트로바이러스 카피수

<110> MIE UNIVERSITY
 TAKARA BIO INC.

<120> Chimeric antigen receptor comprising GITR cytoplasmic domain

<130> 671198

<150> JP 2011-222510

<151> 2011-10-7

<160> 39

<170> PatentIn version 3.5

```
<210> 1
<211> 34
<212> DNA
<213> Artificial
<220><223> 3MSCV5 primer
<400> 1
                                                                      34
tacctcgagc gataaaataa aagattttat ttag
<210> 2
<211> 45
<212> DNA
<213> Artificial
<220><223> 3MSCV3 primer
<400> 2
tacgaattcg attgaatccg tcgactgaaa gacccccgct gacgg
                                                                      45
<210> 3
<211> 1515
<212> DNA
<213> Artificial
<220><223> Anti CEA-28z-CAR fragment sequence
<400> 3
                                                                      60
atgagtgtgc ccactcaggt cctggggttg ctgctgctgt ggcttacagg tgccagatgt
                                                                      120
gacatccaga tgactcagtc tccagcctcc ctttctgcat ctgtgggaga cactgtcacc
atcacatgtc gagcaagtga gaacatttat agttatttag catggtatca gcagaaacag
                                                                      180
                                                                      240
ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaggcct tatcagaagg tgtgccgtca
                                                                      300
aggttcagtg gcagtggatc aggcacacag ttttctctga ggatcaacag cctgcagcct
gaagattttg gggattatta ctgtcaacat cattataatt ctccttatac gttcggaggg
                                                                      360
                                                                      420
gggaccaaac tggaaataaa gggttctacc tctggttctg gtaaatcttc tgaaggtaaa
ggtcagatcc agttggtgca gtctggacct gagctgaaga agcctggaga gacagtcaag
                                                                      480
                                                                     540
atctcctgca aggcttctgg ttattccttc acaaacgatg gaataaactg ggtgaagcag
gctccaggaa agggttttaa gtacatgggc tggataaaca ccatcactgg agagccaaca
                                                                      600
tatactgaag acttcaaggg gcggtttgcc ttctctttgg aaacctctgc cagcactgcc
                                                                      660
tatttgcaga tcaacaacct caaagatgag gacacggcta catttttctg tgcaaagggg
                                                                      720
```

780 actgggacga gcgcttactg gggccaaggg actctggtca ctgtctctgc aactagtctg agcaactcca tcatgtactt cagccacttc gtgccggtct tcctgccagc gaagcccacc 840 900 acgacgccag cgccgcgacc accaacaccg gcgcccacca tcgcgtcgca gcccctgtcc 960 ctgcgcccag aggcgtgccg gccagcggcg gggggcgcag tgcacacgag ggggctggac 1020 tctagatttt gggtgctggt ggtggttggt ggagtcctgg cttgctatag cttgctagta 1080 acagtggcct ttattatttt ctgggtgagg agtaagagga gcaggctcct gcacagtgac tacatgaaca tgactccccg ccgccccggg cccacccgca agcattacca gccctatgcc 1140 ccaccacgcg acttcgcagc ctatcgctcc ctgagagtga agttcagcag gagcgcagac 1200 1260 gccccgcgt accagcaggg ccagaaccag ctctataacg agctcaatct aggacgaaga gaggagtacg atgttttgga caagagacgt ggccgggacc ctgagatggg gggaaagccg 1320 1380 cagagaagga agaaccctca ggaaggcctg tacaatgaac tgcagaaaga taagatggcg 1440 gaggcctaca gtgagattgg gatgaaaggc gagcgccgga ggggcaaggg gcacgatggc 1500 ctttaccagg gtctcagtac agccaccaag gacacctacg acgcccttca catgcaggcc ctgcccctc gctaa 1515 <210> 4 <211> 1515 <212> DNA <213> Artificial <220><223> Anti CEA-z28-CAR fragment sequence <400> 4 atgagtgtgc ccactcaggt cctggggttg ctgctgctgt ggcttacagg tgccagatgt 60 gacatccaga tgactcagtc tccagcctcc ctttctgcat ctgtgggaga cactgtcacc 120 atcacatgtc gagcaagtga gaacatttat agttatttag catggtatca gcagaaacag 180 240 ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaggcct tatcagaagg tgtgccgtca 300 aggttcagtg gcagtggatc aggcacacag ttttctctga ggatcaacag cctgcagcct 360 gaagattttg gggattatta ctgtcaacat cattataatt ctccttatac gttcggaggg

gggaccaaac tggaaataaa gggttctacc tctggttctg gtaaatcttc tgaaggtaaa 420 ggtcagatcc agttggtgca gtctggacct gagctgaaga agcctggaga gacagtcaag 480 atctcctgca aggcttctgg ttattccttc acaaacgatg gaataaactg ggtgaagcag 540 gctccaggaa agggtttaa gtacatgggc tggataaaca ccatcactgg agagccaaca 600 tatactgaag acttcaaggg gcggtttgcc ttctctttgg aaacctctgc cagcactgcc 660 tatttgcaga tcaacaacct caaagatgag gacacggcta catttttctg tgcaaagggg 720

actgggacga gcgcttactg gggccaaggg actctggtca ctgtctctgc aactagtctg	780
agcaactcca tcatgtactt cagccacttc gtgccggtct tcctgccagc gaagcccacc	840
acgacgccag cgccgcgacc accaacaccg gcgcccacca tcgcgtcgca gcccctgtcc	900
ctgcgcccag aggcgtgccg gccagcggcg gggggcgcag tgcacacgag ggggctggac	960
tctagatttt gggtgctggt ggtggttggt ggagtcctgg cttgctatag cttgctagta	1020
acagtggcct ttattatttt ctgggtgagg ctgagagtga agttcagcag gagcgcagac	1080
gccccgcgt accagcaggg ccagaaccag ctctataacg agctcaatct aggacgaaga	1140
gaggagtacg atgttttgga caagagacgt ggccgggacc ctgagatggg gggaaagccg	1200
cagagaagga agaaccctca ggaaggcctg tacaatgaac tgcagaaaga taagatggcg	1260
gaggcctaca gtgagattgg gatgaaaggc gagcgccgga ggggcaaggg gcacgatggc	1320
ctttaccagg gtctcagtac agccaccaag gacacctacg acgcccttca catgcaggcc	1380
ctgccccctc gcagtaagag gagcaggctc ctgcacagtg actacatgaa catgactccc	1440
cgccgccccg ggcccacccg caagcattac cagccctatg ccccaccacg cgacttcgca	1500
gcctatcgct cctaa	1515
<210> 5	
<211> 240	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> GITR transmembrane region and cytoplasmic domain coding	sequence
<400> 5	
ccgcttgggt ggctgaccgt cgtcctcctg gccgtggccg cctgcgtcct cctcctgacc	60
teggeecage tiggaetgea cateiggeag eigaggagic agigeatgig geecegagag	120
acceagetge tgetggaggt geegeegteg accgaagaeg ceagaagetg ceagtteece	180
gaggaagagc ggggcgagcg atcggcagag gagaaggggc ggctgggaga cctgtgggtg	240
<210> 6	
<211> 35	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> 28TM-G-F primer	
<400> 6	
attttctggg tgaggaggag tcagtgcatg tggcc	35

<210>	7	
<211>	35	
<212>	DNA	
<213>	Artificial	
<220><	223> G-z-R primer	
<400>	7	
gaactt	cact ctcagcaccc acaggtctcc cagcc	35
<210>	8	
<211>	35	
<212>	DNA	
<213>	Artificial	
<220><	223> z-G-F primer	
<400>	8	
gccctg	cccc ctcgcaggag tcagtgcatg tggcc	35
<210>	9	
<211>	35	
<212>	DNA	
<213>	Artificial	
<220><	223> G-MC-R primer	
<400>	9	
ttatcg	ctcg agttacaccc acaggtctcc cagcc	35
<210		
> 10		
<211>	35	
<212>	DNA	
<213>	Artificial	
<220><	223> 28SD-G-F primer	
<400>	10	
gcagcc	tatc gctccaggag tcagtgcatg tggcc	35
<210>	11	
<211>	35	
<212>	DNA	
<213>	Artificial	
<220><	223> hinge-G-F primer	
<400>	11	

acgagggggc tggacccgct tgggtggctg accgt	35
<210> 12	
<211> 35	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> G-28SD-R primer	
<400> 12	
actgtgcagg agcctcaccc acaggtctcc cagcc	35
<210> 13	
<211> 35	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> G-28SD-R2 primer	
<400> 13	
cetgetecte ttacteacce acaggtetee cagee	35
<210> 14	
<211> 27	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> 28TM-R primer	
<400> 14	
cctcacccag aaaataataa aggccac	27
<210> 15	
<211> 15	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> z-F primer	
<400> 15	
ctgagagtga agttc	15
<210> 16	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Artificial	

<220><223> z-R primer	
<400> 16	
gcgagggggc agggcctgca	20
<210> 17	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> END-MC-F primer	
<400> 17	
taactcgagc gataaaataa	20
<210> 18	
<211> 15	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> 28SD-R primer	
<400> 18	
ggagcgatag gctgc	15
<210> 19	
<211> 15	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<220><223> hinge-R primer	
<400> 19	
gtccagcccc ctcgt	15
<210> 20	
<211> 15	
<212> DNA	
<213> Artificial	
<213> Artificial <220><223> 28SD-F primer	
<220><223> 28SD-F primer	15
<220><223> 28SD-F primer <400> 20	15
<220><223> 28SD-F primer <400> 20 agtaagagga gcagg	15

20

<213> Artificial <220><223> 28SD-F2 primer <400> 21 agtaagagga gcaggctcct <210> 22 <211> 257 <212> PRT <213> Artificial <220><223> Anti CEA scFv <400> 22 Met Ser Val Pro Thr Gln Val Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp Leu Thr Gly Ala Arg Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser 25 Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn 40 45 Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro 50 55 Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Ala Leu Ser Glu Gly Val Pro Ser 65 70 75 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Ser Leu Arg Ile Asn 85 90 95 Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Asp Tyr Tyr Cys Gln His His Tyr 100 105 Asn Ser Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly 115 120 125 Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Ser Ser Glu Gly Lys Gly Gln Ile Gln 135 140 Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu Thr Val Lys 150 155

Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Asn Asp Gly Ile Asn

170

165

175

Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Phe Lys Tyr Met Gly Trp Ile

180 185 190 Asn Thr Ile Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Thr Glu Asp Phe Lys Gly Arg 200 Phe Ala Phe Ser Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr Leu Gln Ile 215 220 Asn Asn Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Thr Phe Phe Cys Ala Lys Gly 225 230 235 240 Thr Gly Thr Ser Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser 245 250 255 Ala <210> 23 <211> 61 <212> PRT <213> Artificial <220><223> Human CD8 alpha chain hinge domain <400> 23 Leu Ser Asn Ser Ile Met Tyr Phe Ser His Phe Val Pro Val Phe Leu 1 5 10 15 Pro Ala Lys Pro Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala 20 25 30 Pro Thr Ile Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Cys Arg 35 40 Pro Ala Ala Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly Leu Asp 50 55 60 <210> 24 <211> 28 <212> PRT <213> Artificial <220><223> Human CD28 transmembrane domain

<400> 24

Phe Trp Val Leu Val Val Val Gly Gly Val Leu Ala Cys Tyr Ser Leu
1 5 10 15
Leu Val Thr Val Ala Phe Ile Ile Phe Trp Val Arg
20 25
<210> 25
<211> 40
<212> PRT
<213> Artificial
<220><223> Human CD28 cytoplasmic domain
<400> 25
Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met Thr Pro
1 5 10 15
Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro Pro
20 25 30
Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser
35 40
<210> 26
<211> 114
<212> PRT
<213> Artificial
<220><223
> Human CD3 zeta chain cytoplasmic domain
<400> 26
Leu Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Gln Gln
1 5 10 15
Gly Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu
20 25 30
Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly
35 40 45
Lys Pro Gln Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu
50 55 60
Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly
65 70 75 80

Glu Arg Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser
85 90 95
Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro
100 105 110
Pro Arg
<210> 27
<211> 31
<212
> PRT
<213> Artificial
<220><223> Human GITR transmembrane domain
<400> 27
Pro Leu Gly Trp Leu Thr Val Val Leu Leu Ala Val Ala Ala Cys Val
1 5 10 15
Leu Leu Leu Thr Ser Ala Gln Leu Gly Leu His Ile Trp Gln Leu
20 25 30
<210> 28
<211> 49
<212> PRT
<213> Artificial
<220><223> Human GITR cytoplasmic domain
<400> 28
Arg Ser Gln Cys Met Trp Pro Arg Glu Thr Gln Leu Leu Glu Val
1 5 10 15
Pro Pro Ser Thr Glu Asp Ala Arg Ser Cys Gln Phe Pro Glu Glu Glu
20 25 30
Arg Gly Glu Arg Ser Ala Glu Glu Lys Gly Arg Leu Gly Asp Leu Trp
35 40 45
Val
<210> 29
<211> 513
<212> PRT

<213> Artificial <220><223> Anti CEA-zG-CAR sequence <400> 29 Met Ser Val Pro Thr Gln Val Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp Leu Thr 5 10 15 Gly Ala Arg Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser 25 Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn 35 40 45 Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro 50 55 60 Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Ala Leu Ser Glu Gly Val Pro Ser 65 70 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Ser Leu Arg Ile Asn 90 Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Asp Tyr Tyr Cys Gln His His Tyr 105 Asn Ser Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly 115 120 Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Ser Ser Glu Gly Lys Gly Gln Ile Gln 130 135 140 Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu Thr Val Lys 145 150 155 160 Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Asn Asp Gly Ile Asn 165 170 Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Phe Lys Tyr Met Gly Trp Ile 180 185 Asn Thr Ile Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Thr Glu Asp Phe Lys Gly Arg

Phe Ala Phe Ser Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr Leu Gln Ile

Asn	Asn	Leu	Lys	Asp	Glu	Asp	Thr	Ala	Thr	Phe	Phe	Cys	Ala	Lys	Gly
225					230					235					240
Thr	Gly	Thr	Ser	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser
				245					250					255	
Ala	Thr	Ser	Leu	Ser	Asn	Ser	Ile	Met	Tyr	Phe	Ser	His	Phe	Val	Pro
			260					265					270		
Val	Dho	I 011	Pro	Δ1a	Lvc	Pro	Thr		Thr	Pro	ΔΙα	Pro		Pro	Pro
vai	TIIC	275	110	па	Lys	110	280	1111	1111	110	ma	285	m g	110	110
The	Dwo		Duo	The	Ilo	A 1 o		Cln	Dwo	Lou	Con		1	Dwo	C1
1111	290	піа	Pro	1111	116	295	Sel	GIII	110	Leu		Leu	Alg	110	Giu
A 1 a		A	Duo	A 1 a	A 1 a		C1**	A 1 a	Vol.	п: а	300	Λ	Clrr	Lau	Aan
	Cys	AIg	Pro	Ala		Gly	Gly	АТа	vai		1111	AIg	Gly	Leu	
305	Λ	D1	Т	W - 1	310	W - 1	W - 1	<b>V</b> - 1	C1	315	<b>V</b> - 1	Ι	۸1.	C	320
ser	Arg	rne	Trp	vai	Leu	vai	vai	vai	Gly	Gly	vai	Leu	ATA	Cys	lyr
				325					330					335	
Ser	Leu	Leu	Val	Thr	Val	Ala	Phe	Ile	Ile	Phe	Trp	Val	Arg	Leu	Arg
			340					345					350		
Val	Lys	Phe	Ser	Arg	Ser	Ala	Asp	Ala	Pro	Ala	Tyr	Gln	Gln	Gly	Gln
		355					360					365			
Asn	Gln	Leu	Tyr	Asn	Glu	Leu	Asn	Leu	Gly	Arg	Arg	Glu	Glu	Tyr	Asp
	370					375					380				
Val	Leu	Asp	Lys	Arg	Arg	Gly	Arg	Asp	Pro	Glu	Met	Gly	Gly	Lys	Pro
385					390					395					400
Gln	Arg	Arg	Lys	Asn	Pro	Gln	Glu	Gly	Leu	Tyr	Asn	Glu	Leu	Gln	Lys
				405					410					415	
Asp	Lvs	Met	Ala	Glu	Ala	Tyr	Ser	Glu	Ile	Gly	Met	Lvs	Gly		Arg
•	·		420			·		425		·		·	430		Ü
Arg	Arg	Glv	Lys	Glv	His	Asp	Glv		Tvr	Gln	Glv	Leu		Thr	Ala
-0	-0	435	, ,	- J		-12	440		, -		- J	445			
Thr	Lve		Thr	Tvr	Asn	Ala		Hic	Met	Gln	Ala		Pro	Pro	Aro
1111	2,0	.10р	1111	131	пор	111 U	Leu	1110	ni C t	G 111	111 U	Leu	0		· · · · S
	450					455					460				
Arg	Ser	Gln	Cys	Met	Trp	Pro	Arg	Glu	Thr	Gln	Leu	Leu	Leu	Glu	Val

465 470 475 480 Pro Pro Ser Thr Glu Asp Ala Arg Ser Cys Gln Phe Pro Glu Glu Glu 490 485 Arg Gly Glu Arg Ser Ala Glu Glu Lys Gly Arg Leu Gly Asp Leu Trp 505 510 Val <210> 30 <211> 553 <212> PRT <213> Artificial <220><223> Anti CEA-zG28-CAR sequence <400> 30 Met Ser Val Pro Thr Gln Val Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp Leu Thr 10 Gly Ala Arg Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser 25 Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro 50 55 60 Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Ala Leu Ser Glu Gly Val Pro Ser 65 70 75 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Ser Leu Arg Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Asp Tyr Tyr Cys Gln His His Tyr 105 Asn Ser Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly 115 120 125 Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Ser Ser Glu Gly Lys Gly Gln Ile Gln 130 135 140

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

145					150					155					160
Ile	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Ser	Phe	Thr	Asn	Asp	Gly	Ile	Asn
				165					170					175	
Trp	Val	Lys	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Phe	Lys	Tyr	Met	Gly	Trp	Ile
			180					185					190		
Asn	Thr	He	Thr	Glv	Glu	Pro	Thr		Thr	Glu	Asn	Phe		Glv	Aro
		195		41,	aru		200	-,,-		aru	пор	205	2,5	u1,	0
Phe	Ala		Ser	Leu	Glu	Thr		Ala	Ser	Thr	Ala		Leu	Gln	He
i ne	210	THE	501	Beu	uru	215	001	ma	501	1111	220	1,1	Beu	GIII	110
Asn		Len	Lys	Asp	Glu		Thr	Ala	Thr	Phe		Cvs	Ala	Lvs	Glv
225		Dou	2,0	пор	230	пор				235		0,0		2,0	240
	Glv	Thr	Ser	Ala		Trn	Glv	Gln	Glv		Len	Val	Thr	Val	
	ui,	1111	501	ma	-,1	11 р	arj	u i ii	uij	1111	Beu	, α1	1111	, α1	oc.
				0.4 <b>=</b>					250					a==	
	_			245		_			250		_			255	
Ala	Thr	Ser	Leu	Ser	Asn	Ser	He		Tyr	Phe	Ser	His		Val	Pro
			260					265				_	270	_	
Val	Phe		Pro	Ala	Lys	Pro		Thr	Thr	Pro	Ala		Arg	Pro	Pro
		275					280					285			
Thr		Ala	Pro	Thr	Ile		Ser	Gln	Pro	Leu		Leu	Arg	Pro	Glu
	290					295					300				
Ala	Cys	Arg	Pro	Ala	Ala	Gly	Gly	Ala	Val	His	Thr	Arg	Gly	Leu	Asp
305					310					315					320
Ser	Arg	Phe	Trp	Val	Leu	Val	Val	Val	Gly	Gly	Val	Leu	Ala	Cys	Tyr
				325					330					335	
Ser	Leu	Leu	Val	Thr	Val	Ala	Phe	Ile	Ile	Phe	Trp	Val	Arg	Leu	Arg
			340					345					350		
Val	Lys	Phe	Ser	Arg	Ser	Ala	Asp	Ala	Pro	Ala	Tyr	Gln	Gln	Gly	Gln
		355					360					365			
Asn	Gln	Leu	Tyr	Asn	Glu	Leu	Asn	Leu	Gly	Arg	Arg	Glu	Glu	Tyr	Asp
	370					375					380				
Val		Asp	Lys	Arg	Arg	Gly	Arg	Asp	Pro	Glu		Gly	Gly	Lys	Pro
385		-		-	390	-	-	-		395		-	-		400
					- 0										

Gln Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys 405 410 Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg 425 Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala 435 440 445 Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg 450 455 460 Arg Ser Gln Cys Met Trp Pro Arg Glu Thr Gln Leu Leu Glu Val 465 470 475 480 Pro Pro Ser Thr Glu Asp Ala Arg Ser Cys Gln Phe Pro Glu Glu Glu 485 490 Arg Gly Glu Arg Ser Ala Glu Glu Lys Gly Arg Leu Gly Asp Leu Trp 500 505 Val Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met Thr 520 Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro 540 Pro Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser 545 550 <210> 31 <211> 1545 <212> DNA <213> Artificial Sequence <220><223> Anti EGFR-LC-z-CAR coding sequence <400> 31 60 atgaaacacc tgtggttctt cctcctgctg gtggcagctc ccagatgggt cctgtcccag gtgcagctgc aggagtcggg cccaggactg gtgaagcctt cggagaccct gtccctcacc 120 180 tgcactgtct ctggtggctc catcagcagt agtagttact actggggctg gatccgccag 240 ccccaggga agggctgga gtggattggg agtatctatt atagtgggag cacctactac

aaccegteec teaagagteg agteaceata teegtagaca egteeaagaa eeagttetee

ctgaagctga gctctgtgac cgccgcagac acggctgtgt attactgtgc gagacttcct

300

atgg	ttacga	tgtcctttga	ctactggggc	cagggaaccc	tggtcaccgt	ctcgagaggc	420
ggtg	gcggat	caggtggcgg	tggaagtggc	ggtggtgggt	ccatggcctc	ctatgtgctg	480
acte	agccac	cctcagtgtc	agtggcccca	ggaaagacgg	ccaggattac	ctgtggggga	540
aaca	acattg	gaagtaaaag	tgtgcactgg	taccagcaga	agccaggcca	ggccctgtg	600
ctgg	tcatct	attatgatag	cgaccggccc	tcagggatcc	ctgagcgatt	ctctggctcc	660
aact	ctggga	acacggccac	cctgaccatc	agcagggtcg	aagccgggga	tgaggccgac	720
tatt	actgtc	aggtgtggga	tagtagtagt	gatcatgtgg	tattcggcgg	agggaccaag	780
ctga	ccgtcc	taggtcagcc	caaggctgcc	ccctcggtca	ctctgttccc	gccctcctct	840
gagg	agcttc	aagccaacaa	ggccacactg	gtgtgtctca	taagtgactt	ctacccggga	900
gccg	tgacag	tggcttggaa	ggcagatagc	agccccgtca	aggcgggagt	ggagaccacc	960
acac	cctcca	aacaaagcaa	caacaagtac	gcggccagca	gctatctgag	cctgacgcct	1020
gagc	agtgga	agtcccacag	aagctacagc	tgccaggtca	cgcatgaagg	gagcaccgtg	1080
gaga	agacag	tggcccctac	agaatgttcg	actagatttt	gggtgctggt	ggtggttggt	1140
ggag	tcctgg	cttgctatag	cttgctagta	acagtggcct	ttattatttt	ctgggtgagg	1200
ctga	gagtga	agttcagcag	gagcgcagac	gccccgcgt	accagcaggg	ccagaaccag	1260
ctct	ataacg	agctcaatct	aggacgaaga	gaggagtacg	atgttttgga	caagagacgt	1320
ggcc	gggacc	ctgagatggg	gggaaagccg	cagagaagga	agaaccctca	ggaaggcctg	1380
taca	atgaac	tgcagaaaga	taagatggcg	gaggcctaca	gtgagattgg	gatgaaaggc	1440
gagc	gccgga	ggggcaaggg	gcacgatggc	ctttaccagg	gtctcagtac	agccaccaag	1500
gaca	cctacg	acgcccttca	catgcaggcc	ctgcccctc	gctaa		1545
<210	> 32						
<2112	> 19						
<212	> PRT						
<213	> Art	ificial Sequ	ience				
<220	><223>	Human IgG	leader sequ	ience			
<400	> 32						
Met 1	Lys Hi	s Leu Trp Pl	ne Phe Leu I	Leu Leu Val	Ala Ala Pro	Arg Trp	
1		5		10		15	
-		<u> </u>					

<210> 33

Val Leu Ser

<211> 245 <212> PRT <213> Artificial Sequence <220><223> Anti EGFR monoclonal antibody scFv sequence <400> 33 Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu 15 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser 20 25 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu 35 40 45 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser 55 Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe 70 75 Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr 90 Cys Ala Arg Leu Pro Met Val Thr Met Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln 100 105 110 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Arg Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly 115 120 125 Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met Ala Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro 130 135 Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Lys Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly 145 150 155 Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro 165 170 175 Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr Tyr Asp Ser Asp Arg Pro Ser 185 Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr 195 200 205

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

210 215 220 Gln Val Trp Asp Ser Ser Ser Asp His Val Val Phe Gly Gly Gly Thr 225 230 235 240 Lys Leu Thr Val Leu 245 <210> 34 <211> 106 <212> PRT <213> Artificial Sequence <220><223> Human IgG CL sequence <400> 34 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser 10 Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp 25 Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro 35 40 45 Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn 50 55 Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys 65 70 75 80 Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val 85 90 Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser 100 105 <210> 35 <211> 554 <212> PRT <213> Artificial Sequence <220><223> Anti EGFR-28z-CAR sequence <400> 35

Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp

1	5	10	15
Val Leu Ser Gln	Val Gln Leu	Gln Glu Ser Gly	Pro Gly Leu Val Lys
20		25	30
	Leu Ser Leu	Thr Cys Thr Val	Ser Gly Gly Ser Ile
35		40	45
Ser Ser Ser Ser	Tyr Tyr Trp	Gly Trp Ile Arg	g Gln Pro Pro Gly Lys
50	55		60
			Gly Ser Thr Tyr Tyr
65	70	75	80
Asn Pro Ser Leu			Val Asp Thr Ser Lys
Aan Cln Dha San	85	90 Son Son Vol. The	95
ASII GIII FIIE SEI	Leu Lys Leu	105	Ala Ala Asp Thr Ala
100		100	110
W. I. W. W. O.	A1 A T	D W . W 1 701	M + C DI A T
			Met Ser Phe Asp Tyr
Trp Gly Glp Gly		The Val See Are	125 g Gly Gly Gly Gly Ser
130	135	III vai sei nig	140
		Glv Glv Ser Met	Ala Ser Tyr Val Leu
145	150	155	
	Ser Val Ser	Val Ala Pro Gly	Lys Thr Ala Arg Ile
	165	170	175
Thr Cys Gly Gly	Asn Asn Ile	Gly Ser Lys Ser	· Val His Trp Tyr Gln
180		185	190
Gln Lys Pro Gly	Gln Ala Pro	Val Leu Val Ile	e Tyr Tyr Asp Ser Asp
195		200	205
Arg Pro Ser Gly	Ile Pro Glu	Arg Phe Ser Gly	Ser Asn Ser Gly Asn
210	215		220
Thr Ala Thr Leu	Thr Ile Ser	Arg Val Glu Ala	Gly Asp Glu Ala Asp
225	230	235	5 240
Tyr Tyr Cys Gln	Val Trp Asp	Ser Ser Ser Ası	His Val Val Phe Gly

245

255

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser Thr Arg Phe Trp Val Leu Val Val Val Gly Gly Val Leu Ala Cys Tyr Ser Leu Leu Val Thr Val Ala Phe Ile Ile Phe Trp Val Arg Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met Thr Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro Pro Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser Leu Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Gln Gln Gly Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg 

Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala

Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys Pro Gln Arg Arg Lys Asn Pro

500 505 510 Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg Arg Gly Lys Gly His 520 Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp 535 540 Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg 545 550 <210> 36 <211> 563 <212 > PRT <213> Artificial Sequence <220><223> Anti EGFR-zG-CAR sequence <400> 36 Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp 10 Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys 25 Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys 50 55 60 Gly Leu Glu Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr 65 70 Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala 105 Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Leu Pro Met Val Thr Met Ser Phe Asp Tyr 115 120 125 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Arg Gly Gly Gly Ser 130 135 140

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Met Ala Ser Tyr Val Leu

145					150					155					160
Thr	Gln	Pro	Pro	Ser	Val	Ser	Val	Ala	Pro	Gly	Lys	Thr	Ala	Arg	Ile
				165					170					175	
Thr	Cys	Gly	Gly	Asn	Asn	Ile	Gly	Ser	Lys	Ser	Val	His	Trp	Tyr	Gln
			180					185					190		
Cln	Lvo	Dwo		Cln	A 1 o	Dwo	Vo 1		Vo 1	Ilo	Тугы	Ттт		Con	Aan
GIII	LyS		Gly	GIII	АТа	гто		Leu	vai	He	1 9 1		ASP	Ser	ASP
	D	195	0.1	T 1	D	0.1	200	DI	0	01	0	205	0	0.1	
Arg		Ser	Gly	He	Pro		Arg	Phe	Ser	Gly		Asn	Ser	Gly	Asn
	210			_		215					220				
	Ala	Thr	Leu	Thr		Ser	Arg	Val	Glu		Gly	Asp	Glu	Ala	Asp
225					230					235					240
Tyr	Tyr	Cys	Gln	Val	Trp	Asp	Ser	Ser	Ser	Asp	His	Val	Val	Phe	Gly
				245					250					255	
Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu	Gly	Gln	Pro	Lys	Ala	Ala	Pro	Ser
			260					265					270		
Val	Thr	Leu	Phe	Pro	Pro	Ser	Ser	Glu	Glu	Leu	Gln	Ala	Asn	Lys	Ala
		275					280					285			
Thr	Leu	Val	Cys	Leu	Ile	Ser	Asp	Phe	Tyr	Pro	Gly	Ala	Val	Thr	Val
	290					295					300				
Ala	Trp	Lys	Ala	Asp	Ser	Ser	Pro	Val	Lys	Ala	Gly	Val	Glu	Thr	Thr
205					210					215					200
305	D	0		0.1	310	4	4		T)	315	A 1	0	0	т	320
Thr	Pro	Ser	Lys		Ser	Asn	Asn	Lys		Ala	Ala	Ser	Ser	Tyr	Leu
				325					330					335	
Ser	Leu	Thr	Pro	Glu	Gln	Trp	Lys	Ser	His	Arg	Ser	Tyr	Ser	Cys	Gln
			340					345					350		
Val	Thr	His	Glu	Gly	Ser	Thr	Val	Glu	Lys	Thr	Val	Ala	Pro	Thr	Glu
		355					360					365			
Cys	Ser	Thr	Arg	Phe	Trp	Val	Leu	Val	Val	Val	Gly	Gly	Val	Leu	Ala
	370					375					380				
Cys	Tyr	Ser	Leu	Leu	Val	Thr	Val	Ala	Phe	Ile	Ile	Phe	Trp	Val	Arg
385					390					395					400

Leu Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Gln Gln 405 410 Gly Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu 425 Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly 435 440 445 Lys Pro Gln Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu 450 455 460 Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly 465 470 475 480 Glu Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser 485 490 Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro 500 505 Pro Arg Arg Ser Gln Cys Met Trp Pro Arg Glu Thr Gln Leu Leu Leu 520 Glu Val Pro Pro Ser Thr Glu Asp Ala Arg Ser Cys Gln Phe Pro Glu 535 540 Glu Glu Arg Gly Glu Arg Ser Ala Glu Glu Lys Gly Arg Leu Gly Asp 545 550 555 560 Leu Trp Val <210> 37 <211> 603 <212> PRT <213> Artificial Sequence <220><223> Anti EGFR-28zG-CAR sequence <400> 37 Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys 20 25 30

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

		275					280					285			
Thr	Leu	Val	Cys	Leu	Ile	Ser	Asp	Phe	Tyr	Pro	Gly	Ala	Val	Thr	Val
	290					295					300				
Ala	Trp	Lys	Ala	Asp	Ser	Ser	Pro	Val	Lys	Ala	Gly	Val	Glu	Thr	Thr
305					310					315					320
	Pro	Ser	Lys	Gln		Asn	Asn	Lvs	Tvr		Ala	Ser	Ser	Tvr	
		501	2,0	325				2,5	330			501		335	Dou
Ser	Leu	Thr	Pro		Gln	Trn	Lvs	Ser		Arg	Ser	Tvr	Ser		Gln
	Dou		340	ara		11.12	2,0	345		0	501	-,1	350	0,0	
Val	Thr	His	Glu	Glv	Ser	Thr	Val		Lvs	Thr	Val	Ala		Thr	Glu
		355		arj			360		2,5		, 4.1	365			a.u
Cvs	Ser		Arg	Phe	Trn	Val		Val	Val	Val	Glv		Val	Len	Ala
Cy S	oci	1111	111 8	THE	пр	vai	Deu	vai	vai	, aı	ary	diy	, aı	Deu	mu
	370					375					380				
	Tyr	Ser	Leu	Leu		Thr	Val	Ala	Phe		Ile	Phe	Trp	Val	Arg
385					390					395					400
Ser	Lys	Arg	Ser	Arg	Leu	Leu	His	Ser	Asp	Tyr	Met	Asn	Met	Thr	Pro
				405					410					415	
Arg	Arg	Pro	Gly	Pro	Thr	Arg	Lys	His	Tyr	Gln	Pro	Tyr	Ala	Pro	Pro
			420					425					430		
Arg	Asp	Phe	Ala	Ala	Tyr	Arg	Ser	Leu	Arg	Val	Lys	Phe	Ser	Arg	Ser
		435					440					445			
Ala	Asp	Ala	Pro	Ala	Tyr	Gln	Gln	Gly	Gln	Asn	Gln	Leu	Tyr	Asn	Glu
	450					455					460				
Leu	Asn	Leu	Gly	Arg	Arg	Glu	Glu	Tyr	Asp	Val	Leu	Asp	Lys	Arg	Arg
465					470					475					480
Gly	Arg	Asp	Pro	Glu	Met	Gly	Gly	Lys	Pro	Gln	Arg	Arg	Lys	Asn	Pro
				485					490					495	
Gln	Glu	Gly	Leu	Tyr	Asn	Glu	Leu	Gln	Lys	Asp	Lys	Met	Ala	Glu	Ala
			500					505					510		
Tyr	Ser	Glu		Glw	Met	Lve	Glw		Ara	Ara	Ara	Glw		Glv	Hic
1 y 1	JUI		Ile	uly	MCt	гуэ		uiu	m g	m g	m g		гуэ	uly	1112
		515					520					525			

```
Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp
                       535
                                           540
Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg Arg Ser Gln Cys Met Trp
                   550
                                       555
Pro Arg Glu Thr Gln Leu Leu Glu Val Pro Pro Ser Thr Glu Asp
                565
                                   570
                                                        575
Ala Arg Ser Cys Gln Phe Pro Glu Glu Glu Arg Gly Glu Arg Ser Ala
           580
                               585
                                                   590
Glu Glu Lys Gly Arg Leu Gly Asp Leu Trp Val
       595
                           600
<210> 38
<211> 603
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Anti EGFR-z28G-CAR sequence
<400> 38
Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp
               5
                                   10
                                                       15
Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys
           20
                                                   30
                               25
Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile
       35
                           40
                                               45
Ser Ser Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys
                       55
Gly Leu Glu Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr
                    70
                                       75
65
                                                           80
Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys
                                   90
Asn Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala
                               105
Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Leu Pro Met Val Thr Met Ser Phe Asp Tyr
        115
                            120
                                                125
```

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Arg Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met Ala Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Lys Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr Tyr Asp Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Val Trp Asp Ser Ser Ser Asp His Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala 

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

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

 Ala
 Trp
 Lys
 Ala
 Asp
 Ser
 Pro
 Val
 Lys
 Ala
 Gly
 Val
 Glu
 Thr
 Thr

 305
 Tyr
 Asn
 Asn
 Lys
 Tyr
 Ala
 Ala
 Ser
 Tyr
 Leu

 Thr
 Pro
 Ser
 Lys
 Asn
 Asn
 Lys
 Tyr
 Ala
 Ala
 Ser
 Tyr
 Leu

 305
 Tyr
 Asn
 Asn
 Lys
 Tyr
 Ala
 Ala
 Ser
 Tyr
 Leu

 325
 Tyr
 Asn
 Asn
 Lys
 Tyr
 Ala
 A

Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln
340

Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu
355

360

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

Cys Tyr Ser Leu Leu Val Thr Val Ala Phe Ile Ile Phe Trp Val Arg Leu Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Gln Gln Gly Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys Pro Gln Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg Ser Lys Arg Ser Arg Leu Leu His Ser Asp Tyr Met Asn Met Thr Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro Pro Arg Asp Phe Ala Ala Tyr Arg Ser Arg Ser Gln Cys Met Trp Pro Arg Glu Thr Gln Leu Leu Glu Val Pro Pro Ser Thr Glu Asp Ala Arg Ser Cys Gln Phe Pro Glu Glu Glu Arg Gly Glu Arg Ser Ala Glu Glu Lys Gly Arg Leu Gly Asp Leu Trp Val <210> 39

<211> 603

<212> PRT <213> Artificial Sequence <220><223> Anti EGFR-G28z-CAR sequence <400> 39 Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Leu Pro Met Val Thr Met Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Arg Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met Ala Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Lys Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr Tyr Asp Ser Asp

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp

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

455

Pro Arg Arg Pro Gly Pro Thr Arg Lys His Tyr Gln Pro Tyr Ala Pro

465		470		475	5	480
Pro Arg Asp	Phe Ala	Ala Tyr	Arg Ser	Leu Arg	g Val Lys	Phe Ser Arg
	485			490		495
Ser Ala Asp	Ala Pro	Ala Tyr	Gln Gln	Gly Glr	n Asn Gln	Leu Tyr Asn
	500		505			510
Glu Leu Asr	Leu Gly	Arg Arg	Glu Glu	Tyr Ası	o Val Leu	Asp Lys Arg
515			520		525	
Arg Gly Arg	Asp Pro	Glu Met	Gly Gly	Lys Pro	o Gln Arg	Arg Lys Asn
530		535			540	
Pro Gln Glu	Gly Leu	Tyr Asn	Glu Leu	Gln Lys	s Asp Lys	Met Ala Glu
545		550		555	<u>.</u>	560
Ala Tyr Ser	Glu Ile	Gly Met	Lys Gly	Glu Arg	g Arg Arg	Gly Lys Gly
	565			570		575
His Asp Gly	Leu Tyr	Gln Gly	Leu Ser	Thr Ala	a Thr Lys	Asp Thr Tyr
	580		585			590
Asp Ala Leu	His Met	Gln Ala	Leu Pro	Pro Arg	3	
595			600			