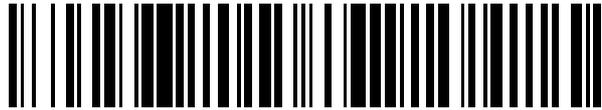


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 558 338**

51 Int. Cl.:

**C12N 15/13** (2006.01)  
**C07K 16/00** (2006.01)  
**G01N 33/68** (2006.01)  
**C07K 16/12** (2006.01)  
**C12N 15/10** (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **24.03.2006 E 10190143 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **11.11.2015 EP 2374886**

54 Título: **Método para aislamiento de polipéptidos solubles**

30 Prioridad:

**25.03.2005 US 664954 P**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

**03.02.2016**

73 Titular/es:

**NATIONAL RESEARCH COUNCIL OF CANADA  
(100.0%)  
Building M-58, EG-06B 1200 Montreal Road  
Ottawa, ON K1A 0R6, CA**

72 Inventor/es:

**TANHA, JAMSHID**

74 Agente/Representante:

**DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto**

Observaciones :

**Véase nota informativa (Remarks) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes**

**ES 2 558 338 T3**

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

## DESCRIPCIÓN

Método para aislamiento de polipéptidos solubles

**Campo de la invención**

5 Esta invención se refiere al aislamiento, identificación y manipulación de polipéptidos, especialmente fragmentos monómeros de anticuerpos humanos.

**Antecedentes de la invención**

Los anticuerpos en los vertebrados se componen típicamente de cadenas pesada (H) y ligera (L) apareadas. El primer dominio de las cadenas H y L combinadas, el  $V_H$  y  $V_L$ , son de secuencia más variable, y esta es la porción del anticuerpo que reconoce el antígeno y se fija al mismo. Los dominios  $V_H$  y  $V_L$  reconocen el antígeno como un par.

10 El repertorio inmunológico de los Camélidos (camellos, dromedarios y llamas) es único en el sentido de que posee tipos raros de anticuerpos a los que se hace referencia como anticuerpos de cadena pesada (Hamers, Casterman C. et al., 1993). Estos anticuerpos carecen de cadenas ligeras y por tanto sus sitios de combinación están constituidos por un solo dominio, denominado  $V_{HH}$ .

15 Los anticuerpos  $V_{HH}$  recombinantes de un solo dominio (sdAbs) proporcionan varias ventajas sobre los fragmentos FV monocatenarios (scFv) derivados de anticuerpos convencionales de cuatro cadenas. Si bien los sdAbs son comparables a sus contrapartidas scFv en términos de afinidad, los mismos superan a los scFv en términos de solubilidad, estabilidad, resistencia a la agregación, susceptibilidad de replegado, rendimiento de expresión, y facilidad de manipulación del DNA, construcción de bibliotecas y determinaciones estructurales 3-D. muchas de las propiedades mencionadas de los scAbs  $V_{HH}$  son deseables en aplicaciones que implican anticuerpos.

20 Sin embargo, la naturaleza no humana de los  $V_{HH}$ s limita su uso en inmunoterapia humana debido a inmunogenia. A este respecto, los sdAbs  $V_H$  y  $V_L$  humanos son candidatos ideales para aplicaciones de inmunoterapia debido a que se espera que sean menos inmunógenos.

25 Los  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  humanos, sin embargo, son por lo general tendentes a agregación, una característica común a los  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  derivados de anticuerpos convencionales (Davies, J. et al., 1994; Tanha, J. et al., 2001; Ward E.S. et al., 1989). Por ello, se han realizado intentos para obtener  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  humanos adecuados para aplicaciones de anticuerpos. Tales  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  han exhibido también otras propiedades útiles típicas de los  $V_{HH}$ s tales como alto rendimiento de expresión, alta susceptibilidad de replegado y resistencia a la agregación. Bibliotecas sintéticas construidas a base de estos  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  como armazones de biblioteca podrían servir como una fuente prometedora de proteínas terapéuticas.

30 La camelización y la llamización, que implican incorporar residuos importantes de solubilidad de los  $V_{HH}$ s de camello y llama, respectivamente, en  $V_{HS}$  o  $V_{LS}$  humanos se han empleado para generar  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  humanos monómeros. Se ha demostrado que bibliotecas sintéticas de sdAb construidas sobre la base de estos  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  y generadas por aleatorización de la CDR son funcionales en términos de producción de ligantes para diversos antígenos (Davies, J. et al., 1995; Tanha J. et al., 2001).

35 En otro enfoque, se aislaron  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  monómeros totalmente humanos de bibliotecas sintéticas humanas de  $V_H$  y  $V_L$  sin recurrir a ingeniería de la clase arriba mencionada. En un experimento, se descubrió un  $V_H$  humano monómero cuando una biblioteca de  $V_H$  humano se lavó en batea contra lisozima de huevo de gallina (Jespers, L. et al., 2004b). Más recientemente, un método de selección basado en criterios de desplegamiento reversible y afinidad produjo un gran número de  $V_{HS}$  monómeros a partir de bibliotecas humanas sintéticas de  $V_H$  (Jespers, L. et al., 40 2004a). Este descubrimiento puso de manifiesto el hecho de que un método de selección apropiado es fundamental para la captura eficiente de  $V_{HS}$  humanos monómeros raros con propiedades biofísicas deseables.

**Sumario de la invención**

45 La invención tiene su origen en un método para aislar polipéptidos, preferiblemente fragmentos de anticuerpo, y lo más preferiblemente  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  de humano con propiedades biofísicas deseables (solubilidad, estabilidad, expresión alta, monomería, ausencia de agregación, especificidad de fijación). El método incluye las etapas de obtención de una genoteca de exposición en fagos capaz de expresar una serie de secuencias polipeptídicas, lo que permite la infección de un césped bacteriano con la genoteca de fagos, y de identificación del fago que forma las calvas más grandes que la media en el césped bacteriano. A continuación, los fagos se aíslan y se llevan a cabo las etapas de secuenciar o si no caracterizar las secuencias polipeptídicas.

50 La invención da a conocer polipéptidos, en especial  $V_{HS}$  monoméricos de humano, que podrían ser útiles para la inmunoterapia y/o como agentes para diagnóstico o para detección. El  $V_H$  monomérico de humano también se puede combinar para formar dímeros, trímeros, pentámeros u otros multímeros, que pueden ser útiles para la inmunoterapia y/o como agentes de diagnóstico o de detección.

Los polipéptidos identificados en la presente memoria, que incluyen las V<sub>H</sub>s de humano, se pueden manipular mediante métodos tales como el barajado de DNA para seleccionar los que tengan mejores propiedades biofísicas, tales como solubilidad, estabilidad, monomería, alta capacidad de expresión, especificidad de fijación y origen humano.

- 5 Los polipéptidos identificados en la presente memoria, que incluyen las V<sub>H</sub>s de humano, también se pueden utilizar para generar otras genotecas de exposición, que a su vez se pueden utilizar entonces para aislar más polipéptidos mediante el método anterior.

En un primer aspecto, la presente invención da a conocer un polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos de SEQ ID n.º 16.

- 10 En un segundo aspecto, la presente invención da a conocer un fragmento V<sub>H</sub> de anticuerpo que comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID n.º 16.

- 15 En un tercer aspecto, la presente invención da a conocer un método para producir polipéptidos con propiedades biofísicas deseables, que comprende las etapas de a) dar a conocer una secuencia de ácido nucleico que codifica un fragmento de anticuerpo tal y como se reivindica en la reivindicación 1 o en la reivindicación 2; b) dar a conocer secuencias oligonucleotídicas con codones aleatorizados; c) incorporar los oligonucleótidos aleatorizados en la secuencia de nucleótidos que codifica una o más una de las regiones determinantes de la complementariedad (CDR) del fragmento de anticuerpo, de tal manera que se aleatoriza una o más de las CDR; y d) expresar las secuencias de nucleótidos producidas en la etapa (c).

### Descripción Detallada de los Dibujos

#### 20 Leyendas de las figuras

- Figura 1. Una representación gráfica de los resultados de ejemplos seleccionados: el contraste en el tamaño de calva entre fagos que presentan un V<sub>H</sub> soluble (HVHP428) y aquéllos que presentan uno insoluble (BT32/A6). La fotografía muestra una parte de la placa de agar de césped bacteriano que se amplió para mejorar la visualización de la calva. Aunque la placa contenía un número igual de cada uno de los dos tipos de calva, la fotografía contiene esencialmente las calvas HVHP428, de tamaño grande. La mayoría de las calvas BT32/A6 eran demasiado pequeñas para producir imágenes claras bien definidas en la fotografía. Por tanto, las calvas marcadas por flechas representan una proporción menor de fagos BT32/A6 que eran lo suficientemente grandes para ser visibles en esta imagen. Los asteriscos marcan tamaños de calva representativos para los fagos HVHP428. Las identidades de las calvas se determinaron por secuenciación del DNA.

- 30 Figura 2. Secuencia de aminoácidos de los V<sub>H</sub>s humanos seleccionados sobre la base de la afinidad para la proteína A y el tamaño de la calva. Los puntos en las entradas de la secuencia indican identidad de aminoácidos con HVHP2M10 o HVHP44. Se incluyen guiones para alineación de las secuencias. Los residuos en las posiciones de solubilidad principales y el residuo 57T que se asocia con V<sub>H</sub>s/V<sub>H</sub> con la propiedad de fijación de proteína A se muestran en negrilla. Se utiliza el sistema de numeración Kabat. El valor de la "frecuencia" total es 114

- 35 CDR = región determinante de la complementariedad; FR = región de entramado; gln seq = secuencia de la línea germinal

- Figura 3. Tendencias de agregación de los V<sub>H</sub>s humanos. Cromatogramas de filtración en gel que comparan el estado de oligomerización de un V<sub>H</sub> humano aislado en este estudio (HVHP428) con el de un V<sub>H</sub> de llama (H11C7) y un V<sub>H</sub> humano típico (BT32/A6). El pico que se eluye en último lugar en cada cromatograma corresponde al V<sub>H</sub> monomérico. El pico H11C7 dímero está marcado por una flecha. B, espectros 1H NMR unidimensionales de HVHP414 a 800 MHz (i), HVHP423 a 500 MHz (ii) y HVHP428 a 800 MHz (iii). Los espectros en el panel izquierdo están aumentados a escala con un factor de dos a fin de permitir una mejor observación de las señales de baja intensidad.

- 45 Figura 4. Estabilidad de los V<sub>H</sub>s humanos en términos de su resistencia a tripsina a 37°C y su integridad después de incubación larga a 37°C. A, SDS-PAGE que compara las movilidades del V<sub>H</sub> HVHP414 sin tratar y tratado con tripsina a los 15, 30 y 60 min con relación a un marcador de 21 kDa. HVHP414-cMyc denota VH de HVHP414 que carece del c-Myc. B, perfiles de masa molecular obtenidos por espectrometría de masas de VH de HVHP414 sin tratar y tratado con tripsina (60 min). El perfil de la espectrometría de masas del V<sub>H</sub> tratado se ha superpuesto al correspondiente al del V<sub>H</sub> sin tratar para proporcionar una mejor comparación visual. La masa molecular experimental del V<sub>H</sub> sin tratar es 14.967,6 Da, que es esencialmente idéntica a la masa molecular esperada, 14.967,7 Da. La masa molecular observada del V<sub>H</sub> tratado con tripsina (13.368,5 Da) indica la pérdida de 13 aminoácidos en el término C por escisión en K (Lys) en la etiqueta de c-Myc para dar una masa molecular esperada de 13368,0 Da. El sitio de escisión de tripsina se muestra por una flecha vertical encima de la secuencia de aminoácidos de HVHP414. C, cromatogramas de filtración en gel que comparan el estado de oligomerización del V<sub>H</sub> HVHP420 tratado a 37°C (perfil superior) con el del V<sub>H</sub> sin tratar (perfil inferior). Los cromatogramas se desplazaron verticalmente debido a que no podían distinguirse cuando estaban superpuestos. Los picos mayor y menor en cada

cromatograma corresponden a  $V_{HS}$  monómeros y dímeros, respectivamente. El  $V_H$  dímero constituye 3% de la proteína total. El recuadro muestra las superposiciones de sensogramas para la fijación de HVHP420 tratado a 37°C a la proteína A a diversas concentraciones. Los  $V_{HS}$  utilizados para estudios de estabilidad térmica procedían de stocks que habían estado ya a 4°C durante varios meses.

5 **Figura 5.** Superposiciones de sensogramas que muestran la fijación de HVHP423 nativo (líneas gruesas) y replegado (líneas delgadas) a la proteína A inmovilizada a concentraciones de 75, 100, 150 y 200 nM.  $K_{DN}$  y  $K_{Dref}$  se calcularon a partir de los sensogramas respectivos y se utilizaron para determinar RE como se describe más adelante.

10 **Figura 6.** Secuencias de aminoácidos de los  $V_L$ s humanos seleccionados basadas en afinidad para la proteína L y tamaño de calva. Los puntos en las entradas de la secuencia indican identidad de aminoácidos con HVLP333. Se incluyen guiones para alineación de la secuencia. Véase la BASE V ([http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/index.php?module=pagemaster&PAGE\\_user\\_op=view\\_page&PAGE\\_id=7&MMN\\_position=5:5](http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/index.php?module=pagemaster&PAGE_user_op=view_page&PAGE_id=7&MMN_position=5:5)) para numeración de las secuencias y designación de la CDR. L6, A27, L2, L16, O2/O12, A30 y 1b son designaciones de la línea germinal V. Las designaciones de la línea germinal J aparecen entre paréntesis. NF, no encontrado.

15 **Figura 7.** Cromatogramas de exclusión por tamaños de dominios  $V_L$  humanos. En A, se aplicaron los  $V_L$ s a una concentración de 0,6 mg/ml. En B, se aplicaron los  $V_L$ s a su máxima concentración disponible: HVLP342, 1,0 mg/ml; HVLP3103, 5,9 mg/ml; HVLP335, 4,9 mg/ml, HVLP351, 0,89 mg/ml. "#" y "\*" representan picos agregados y monómeros, respectivamente. Los agregados se eluyen en el volumen de exclusión. El pico marcado por una flecha en el panel HVLP342 (B) es el arrastre de una operación previa.

20 **Figura 8.** Superposiciones de sensogramas que muestran la fijación de  $V_L$ s a la proteína L inmovilizada a concentraciones de 0,2, 0,5, 0,75, 1, 2, 3, 5 y 10  $\mu$ M (HVLP389, HVLP351 y HVLP364); 1, 2, 3, 5, 7,5 y 10 nM (HVLP342); 0,2, 0,5, 1, 2, 3, 5 y 10  $\mu$ M (HVLP335); 0,2, 0,5, 1, 1,5, 2 y 5  $\mu$ M (HVLP325), 0,2, 0,5, 0,75, 1, 1,5, 2, 3 y 5  $\mu$ M (HVLP3103) y 1, 2, 3, 4, 5 y 6 nM (HVLP324). Los sensogramas para las fijaciones de HVLP324 y HVLP342 al sitio de baja afinidad de la proteína L no se incluyen, pero los KDs calculados se registran en la Tabla 3.

25 **Figura 9.** Fijaciones de HVHP328PTV2 a proteína A y HVLP335PTV2 a proteína L en experimentos de resonancia de plasmones de superficie. (A) Superposiciones de sensogramas que muestran la fijación de HVH28PTV2 a proteína A inmovilizada a concentraciones de 1, 2, 3, 4, 6, 8 y 10 nM. (B) Superposiciones de sensogramas que muestran la fijación de HVLP335PTV2 a proteína L inmovilizada a concentraciones de 1, 2, 2,5, 3, 3,5, 4 y 4,5 nM. Los datos de fijación se registran en la Tabla 4.

30 **Figura 10.** Figura que muestra los resultados de los experimentos de microaglutinación con células de *S. aureus*. La concentración de los pentámeros decrece dos veces desde el pocillo 1 al pocillo 11, teniendo el pocillo 12 los pentámeros reemplazados con tampón de PBS. Los pocillos de la fila superior contienen pentámero de HVHP328PTV2 y los del fondo pentámero HVLP335PTV2. Las concentraciones de los pentámeros en los pocillos 1 a 6 son 215, 108, 54, 27, 13 y 7  $\mu$ g/ml, respectivamente.

### Descripción detallada de la invención

35 Es deseable identificar polipéptidos, en especial fragmentos de anticuerpo, que son de origen humano, solubles, estables, resistentes a la agregación, que se pueden volver a plegar, que se expresan mucho, cuyo DNA se manipula con facilidad, ideales para la construcción de genotecas y para las determinaciones estructurales tridimensionales. Tales fragmentos de anticuerpo son útiles para una amplia gama de aplicaciones inmunoterápicas y también como agentes de diagnóstico y de detección. Los anticuerpos  $V_H$  y  $V_L$  monoméricos de humano son particularmente interesantes y probablemente tienen muchas de las propiedades mencionadas más arriba.

40 Los polipéptidos con las propiedades mencionadas más arriba se pueden identificar mediante el cribado de alto rendimiento de genotecas capaces de expresar muchas secuencias polipeptídicas diferentes. Por ejemplo, las genotecas de exposición en fagos (preferiblemente fagos filamentosos tales como M13 o fd) se pueden cribar mediante la infección de una superficie de bacterias sensibles al fago (un césped bacteriano) con el fago, a continuación determinar qué fagos han lisado correctamente las bacterias mediante de búsqueda de áreas transparentes, sin bacterias, conocidas como calvas. Los fagos que exponen los  $V_{HS}$  y  $V_L$ s monoméricos llamizados forman en los céspedes bacterianos calvas más grandes que los fagos que exponen los  $V_{HS}$  totalmente humanos con tendencia a la agregación. Así pues, el tamaño de las placas se puede utilizar como medio de identificación de los  $V_{HS}$  y  $V_L$ s monoméricos que se producen de forma natural a partir del repertorio de  $V_H$  de humano.

45 El método descrito en la presente memoria es también útil para identificar proteínas solubles, estables [la estabilidad abarca una serie de características, entre ellas, pero sin limitarse a ellas, la alta eficacia para volver a plegarse tras un incremento de la temperatura, alta temperatura de fusión, mantener la funcionalidad después de una incubación larga (varios días) a 37 °C, resistencia a los desnaturizantes químicos, resistencia a las proteasas, tener una prolongada vida útil por debajo de 0 °C y 4 °C, y a temperatura ambiente, mantener la funcionalidad en el entorno intracelular, y mantener la funcionalidad dentro del cuerpo de un ser humano, tal como en el torrente circulatorio] y

que se expresan en gran cantidad, que tienen diferentes procedencias, entre ellas:

1. Anticuerpos  $V_H$ ,  $V_L$ , Fab, scFv y completos, tales como IgG, más específicamente las de humano.
2. Variantes proteicas basadas en armazones que no son anticuerpos, receptores monocatenarios de los linfocitos T, dominios del receptor de los linfocitos T, transferina, lipocalinas, dominios de kunitz, repeticiones de anquirina y antígeno asociado al linfocito T citotóxico (CTLA-4), que incluye los humanos.
3. Vacunas tales como las vacunas con proteínas víricas y bacterianas.
4. Proteínas terapéuticas, p. ej., insulina, hormona del crecimiento, eritropoyetina.
5. Reactivos proteínicos de diagnóstico y bioquímicos, p. ej., proteína A, proteína G.

Los polipéptidos identificados con este método se pueden utilizar para construir otras genotecas. Esto se hace mediante la selección de una secuencia de ácido nucleico de, por ejemplo, un  $V_H$ . Se crean oligonucleótidos con codones aleatorizados y se incorporan a la secuencia del  $V_H$ . Así pues, cada oligonucleótido único se incorpora en un gen de  $V_H$  y los genes de  $V_H$  modificados constituyen una genoteca de secuencias con ligeras variaciones. Típicamente, los oligonucleótidos se diseñan de tal manera que se aleatorizan las CDR o los bucles de la  $V_H$ . Por ejemplo, se pueden aleatorizar una, dos o las tres CDR del  $V_H$ . La genoteca de  $V_H$  se clona a continuación en un vector adecuado, según el tipo de genoteca a utilizar, y las secuencias de ácido nucleico se expresan como polipéptidos. La genoteca se criba en busca de moléculas que se fijan a los polipéptidos de la genoteca, típicamente mediante rondas de cribado. Las genotecas pueden ser genotecas de exposición en fagos u otras genotecas de exposición, tales como exposición en ribosomas y exposición en levaduras.

Los polipéptidos identificados mediante el método explicado en la presente memoria se pueden utilizar para la inmunoterapia mediante, por ejemplo, el entrecruzamiento de monómeros para formar dímeros, trímeros, pentámeros u otros multímeros. Esto puede dar lugar a que algunos antígenos tengan una mayor afinidad por las moléculas de antígeno y una velocidad de disociación más lenta. Otra posible estrategia es unir o fusionar los polipéptidos a una serie de moléculas con diferentes funciones. Por ejemplo, los fragmentos de anticuerpo se pueden unir a radionúclidos, fármacos citotóxicos, toxinas, péptidos, proteínas, enzimas, liposomas, lípidos, superantígenos de linfocitos T o virus, para dirigirlos selectivamente y destruir o modificar células o moléculas específicas.

Una vez que se han aislado los  $V_{HS}$  o  $V_L$ s identificados con el método de selección descrito en la presente memoria, se pueden manipular adicionalmente para seleccionar las propiedades biofísicas mejoradas, tales como solubilidad, estabilidad, monomería, especificidad de fijación, origen humano o alta capacidad de expresión. Esto se puede conseguir mediante técnicas de recombinación *in vitro*, tales como el barajado de DNA o un proceso de extensión escalonado. El barajado de DNA implica cortar la secuencia de ácido nucleico del primer (donante) y segundo (aceptor) polipéptidos, tales como los fragmentos de anticuerpo, en fragmentos aleatorios, y a continuación volver a ensamblar los fragmentos aleatorios mediante una reacción de tipo PCR. Los fragmentos que se han vuelto a ensamblar se criban a continuación para seleccionar los que tienen las propiedades deseadas.

Por ejemplo, uno o varios  $V_{HS}$  de alta estabilidad (donantes) se puede mezclar con uno o varios  $V_{HS}$  que carecen de suficiente estabilidad (aceptores) y someterlos al barajado de DNA. Esto genera mutantes de los  $V_{HS}$  aceptores que han incorporado restos de estabilidad de los  $V_{HS}$  donantes. Estos nuevos mutantes estables se pueden identificar con los métodos descritos en la presente memoria o a través de otros sistemas progresivos de cribado de proteínas, tales como exposición en ribosomas, exposición en levaduras, exposición en células bacterianas y exposición en fagos. De igual forma, esta técnica se puede utilizar para transferir rasgos deseables, tales como la solubilidad, la monomería y la expresión elevada.

Esta técnica se puede utilizar cuando los  $V_{HS}$  donante y aceptor tienen las propiedades deseables, para producir un  $V_H$  con ambas propiedades. Por ejemplo, un  $V_H$  donante inestable que se fija a un ligando diagnóstico o terapéutico importante se puede barajar con un  $V_H$  aceptor estable. Para asegurarse de que los nuevos  $V_{HS}$  estables generados tienen también la capacidad de fijarse al ligando, el sistema de cribado puede implicar una etapa de fijación al ligando.

El barajado de DNA puede ser útil también para humanizar los  $V_{HS}$  no humanos, tales como los dominios variables de cadena pesada de los anticuerpos de los camélidos y los dominios variables de tiburón nodriza y de tiburón bético, o los  $V_L$ s no humanos que se fijan a las dianas terapéuticas. Se pueden utilizar como donantes los  $V_{HS}$  y  $V_L$ s de humano con las propiedades deseables, tales como solubilidad, estabilidad, monomería y alta capacidad de expresión. Por ejemplo, uno o varios  $V_H$  de humano con una buena estabilidad (donantes) se puede mezclar con uno o varios  $V_H$  terapéuticos no humanos (aceptores) y someterlos al barajado de DNA. Esto genera mutantes de los  $V_H$  aceptores que son tanto estables como humanizados. Los nuevos mutantes estables y humanizados que se han generado se pueden identificar mediante los métodos descritos en la presente memoria, o a través de otros sistemas progresivos de cribado de proteínas, tales como exposición en ribosomas, exposición en levaduras, exposición en células bacterianas y exposición en fagos. En otro ejemplo, el  $V_H$  aceptor podría ser un  $V_{HH}$  terapéutico (dominio

variable de la cadena pesada de los anticuerpos de los camélidos).

Además, esta técnica también es útil para seleccionar propiedades deseables de polipéptidos diferentes a los  $V_H$  y  $V_L$ . Tal y como se explicó más arriba, el polipéptido donante y el polipéptido aceptor pueden proceder los dos de humano, o el donante puede ser de humano y el aceptor no serlo.

- 5 Una posible estrategia para conferir solubilidad, monomería, alta capacidad de expresión o estabilidad a los  $V_H$  y  $V_L$  puede ser a través de la inserción de regiones determinantes de la complementariedad (CDR) en los  $V_H$  y  $V_L$  aceptores. Ya que las CDR se sabe que intervienen en la solubilidad y en la estabilidad de anticuerpos con un solo dominio, y en consecuencia el injerto de estas regiones, tales como las CDR de los  $V_H$  y  $V_L$  aislados por los métodos descritos en la presente memoria, pueden conferir solubilidad y/o estabilidad a los  $V_H$  y  $V_L$  aceptores.

## 10 $V_{HS}$ y $V_{LS}$ humanos monómeros

Se identificaron varios  $V_{HS}$  humanos monómeros con diferentes secuencias de la línea germinal y totales (véase Figura 1 y SEQ ID N° 8 a 22) de una biblioteca de presentación de fago  $V_H$  humano naif por este método de selección basado en el tamaño de las calvas de fago. Los  $V_{HS}$  se mantienen funcionales y en forma monómera después de tratamiento con tripsina a 37°C, semanas de incubaciones a 37°C o meses de almacenamiento a 4°C, tienen altas eficiencias de plegado térmico, se producen con buenos rendimientos en *E. coli* y poseen actividad de fijación de la proteína A.

Se identificaron además varios  $V_{LS}$  humanos monómeros (véase la Figura 6 y SEQ ID N° 23 a 54). Los  $V_{LS}$  se producen también con buenos rendimientos en *E. coli* y poseen actividad de fijación de proteína L.

20 Dichas propiedades serán manifestadas también por  $V_{HS}$  de bibliotecas sintéticas que utilicen los  $V_{HS}$  anteriores como armazón. Así, tales bibliotecas pueden producir  $V_{HS}$  terapéuticos o de diagnóstico que podrían tener eficacia satisfactoria a temperatura fisiológica, vida útil prolongada y una producción eficaz en costes. La característica de alta eficiencia de plegado térmico podría aumentar adicionalmente las aplicaciones biotecnológicas de estas bibliotecas a situaciones en las cuales se requieran fijadores de  $V_H$  para mantener su actividad después de exposición a temperaturas altas transitorias. Los  $V_{HS}$  podrían ser también muy adecuados para aplicaciones intracorpóreas debido a sus propiedades biofísicas deseables. La propiedad de fijación de la proteína A simplificará la purificación y detección de  $V_H$  en tests de diagnóstico, inmunotransferencia e inmunocitoquímica y puede aprovecharse para mejorar la eficiencia de las bibliotecas por retirada de los  $V_{HS}$  no funcionales de las mismas. Análogamente, las bibliotecas que utilizan  $V_{HS}$  como entramado producirán  $V_{LS}$  terapéuticos o de diagnóstico que tengan propiedades análogamente deseables. Dado que los  $V_{LS}$  se fijan con la proteína L, la purificación y detección de  $V_L$  se simplifica aprovechando la ventaja de esta propiedad de fijación de la proteína L.

30 Las genotecas de exposición construidas con los presentes  $V_H$  y  $V_L$  también pueden ser una fuente útil de agentes de diagnóstico y detección.

Los  $V_{HS}$  totalmente humanos consignados anteriormente con propiedades biofísicas favorables estaban basados en una secuencia de la línea germinal  $V$  simple: DP-47 ((Jespers, L. et al., 2004b; Jespers, L. et al., 2004a). La observación de que los  $V_{HS}$  humanos monómeros de este estudio proceden de 6 secuencias de la línea germinal diferentes con inclusión de DP-47, demuestra que los  $V_{HS}$  estables no están restringidos en términos de uso de genes de la línea germinal. De hecho, es muy probable que los autores de la invención hubieran aislado  $V_{HS}$  monómeros de familia y orígenes de línea germinal diferentes de los que se describen en esta memoria si no hubieran restringido la selección a un subconjunto de  $V_{HS}$  de la familia  $V_{H3}$  con actividad de fijación de la proteína A. No es posible concretar aquí las mutaciones de aminoácidos (Tabla 1) responsables del comportamiento biofísico observado de los presentes  $V_{HS}$  debido a la aparición de mutaciones múltiples en  $V_{HS}$  y al hecho de que se sabe también que CDR3 está implicado en la conformación de los perfiles biofísicos de sdAbs. Es posible, sin embargo, que mutaciones en las posiciones que se saben son importantes para la estabilidad y solubilidad de los sdAbs, v.g., V37F en HVHP423 y HVHP44B, o mutaciones que aparecen múltiples veces en la misma posición, v.g., L5V/Q y V5Q en nueve  $V_{HS}$ , tengan un papel en la determinación de las propiedades biofísicas de  $V_{HS}$ . En términos de construcción de bibliotecas, sería deseable que el carácter monómero de los presentes  $V_{HS}$  no sea dependiente de CDRs, en particular CDR3, a fin de que la aleatorización de CDR pueda realizarse sin la preocupación de comprometer la estabilidad de la biblioteca. A este respecto, los  $V_{HS}$  con CDR3 menor, v.g., HVHP82, pueden ser armazones preferidos, dado que ello implicaría menos dependencia de CDR3 para la estabilidad.

50 La diversidad de los presentes  $V_H$  y  $V_L$  en términos de secuencia global y de longitud de la CDR3 debe permitir la construcción de genotecas que funcionen mejor. Las genotecas de  $V_H$  sintéticos se han construido en armazones únicos. Tal estrategia para generar repertorios contrasta mucho con la «estrategia» natural *in vivo* que utiliza muchos armazones. En función de las secuencias descritas aquí, se puede sacar partido de la disponibilidad del conjunto variopinto de  $V_H$  y  $V_L$ , y crear genotecas que se basan en muchos armazones de  $V_H$  y  $V_L$ . Tales genotecas emularían mejor los repertorios *in vivo* y, por lo tanto, tendrían una complejidad más óptima. De las tres CDR en los sdAb, la CDR3 contribuye, en general, más significativamente a la diversidad de repertorios y, por esta razón, la aleatorización de la CDR3 en los armazones de  $V_H$  y  $V_L$  está típicamente acompañada de la variación concomitante

de la longitud de la CDR3. Aunque esto mejore significativamente la complejidad de las genotecas, también puede comprometer la estabilidad de las genotecas al alterar la longitud de la CDR3 del armazón parental. La heterogeneidad de los presentes  $V_H$  y  $V_L$  en términos de longitud del CDR3 permite crear genotecas con buena complejidad, buena estabilidad y buenas características biofísicas. Tales genotecas consistirían preferiblemente en subgenotecas, en donde cada subgenoteca se crea mediante la aleatorización de la CDR3 (y la aleatorización de la CDR1 y/o de la CDR2, si se desea) en un único armazón de  $V_H$  o  $V_L$  sin alterar la longitud de la CDR3 parental.

La versatilidad de los presentes  $V_H$  y  $V_L$  también es beneficiosa en términos de elegir una región flanqueante óptima de  $V_H$  o  $V_L$  para humanizar los  $V_{HH}$ ,  $V_H$  y  $V_L$  que son específicos de dianas terapéuticas. Los  $V_{HH}$  de camélidos de alta afinidad por las dianas terapéuticas se pueden obtener a partir de genotecas de  $V_{HH}$  inmunitarios, sin inmunizar o sintéticos con relativa facilidad, y posteriormente someterlos a la humanización (injerto de CDR, remodelación de la superficie, desinmunización) para retirar la posible capacidad inmunógena del  $V_{HH}$ , con lo que se proporciona una alternativa a la estrategia de genoteca de  $V_H$  de humanos para producir los  $V_H$  terapéuticos. La generación de  $V_H$  terapéuticos de alta afinidad mediante la última estrategia puede requerir a menudo otra maduración de afinidad *in vitro* tediosa y larga de los mejores fijadores seleccionados en las genotecas primarias de  $V_H$  sintéticos de humano.

Los  $V_H$  no humanos contra las dianas terapéuticas se pueden obtener a partir de genotecas de  $V_H$  inmunitarios, sin inmunizar o sintéticos con relativa facilidad y posteriormente someterlos a la humanización (injerto de CDR, remodelación de la superficie, desinmunización) para eliminar la capacidad inmunógena del  $V_H$  no humano, con lo que se proporciona una alternativa a la estrategia de genoteca de  $V_H$  de humano para producir los  $V_H$  terapéuticos.

Los  $V_L$  no humanos contra las dianas terapéuticas se pueden obtener de genotecas de  $V_{HH}$  inmunitarios, sin inmunizar o sintéticos con relativa facilidad y posteriormente someterlos a la humanización (injerto de CDR, remodelación de la superficie, desinmunización) para eliminar la capacidad inmunógena del  $V_{HH}$ , con lo que se proporciona una alternativa a la estrategia de genoteca de  $V_L$  de humanos para producir los  $V_L$  terapéuticos.

Se han descrito cierto número de enfoques evolutivos para la selección de proteínas con propiedades biofísicas mejoradas (Forrer, P. et al., 1999; Waldo, G.S., 2003); (Jespers, L. et al., 2004a; Jung, S. et al., 1999; Matsuura, T. et al., 2003). Típicamente, se requiere una presión de estabilidad para asegurar la selección preferencial de las variantes estables sobre las inestables o menos estables, de una población de biblioteca. Por ejemplo, en un trabajo afín, se requirió tratamiento térmico de bibliotecas de presentación del fago  $V_H$  para seleccionar  $V_{HS}$  resistentes a la agregación (Jespers, L. et al., 2004a). Ejemplos de enfoques de selección evolutivos que implican presentación de fago incluyen presentación de fago convencional, fagos selectivamente infectivos y los enfoques de proteólisis. En los dos primeros enfoques se utiliza selección por afinidad para seleccionar especies estables de una biblioteca, basadas en la hipótesis de que las proteínas estables poseen mejores propiedades de fijación a su ligando que las inestables. Sin embargo, aun con la inclusión adicional de un paso de selección por estabilidad, estos enfoques pueden enriquecer fundamentalmente por mayor afinidad más que por mayor estabilidad (Jung, S. et al., 1999). Un requerimiento de pasos de fijación limita también la aplicabilidad de estos enfoques a proteínas con ligandos conocidos. El tercero, enfoque de proteólisis, está basado en el hecho de que las proteínas estables son generalmente compactas y por consiguiente son resistentes a las proteasas, mientras que las inestables no lo son. El formato de presentación de fago se modifica por ingeniería genética de tal manera que la estabilidad a las proteasas de la proteína presentada se traduce en infectividad del fago. Así, cuando una biblioteca variante de presentación de fago se trata con una proteasa, únicamente los fagos que exhiben proteínas estables retienen su infectividad y pueden seleccionarse subsiguientemente por infección de un *E. coli* hospedador. Dado que este enfoque es independiente de la fijación de ligandos, el mismo es de utilidad general. Sin embargo, incluso las proteínas estables y bien plegadas tienen sitios sensibles a las proteasas, v.g. bucles y enlaces, y esto podría impedir en algunos casos la selección de especies estables en un enfoque de proteólisis (Ban, Y. et al., 2004).

En contraste, en el presente enfoque evolutivo, las proteínas con propiedades biofísicas superiores se identifican directamente a simple vista. El enfoque no requiere pasos de fijación de ligando, proteólisis o desestabilización, y por consiguiente evita complicaciones que pueden encontrarse en los enfoques de selección indicados. La ausencia de requerimiento de un paso de fijación significa también que este enfoque tiene utilidad general. Como opción, puede incluirse un paso de fijación para asegurar que las proteínas seleccionadas sean funcionales. Sin embargo, la dependencia del presente enfoque respecto a la extensión en placas (para visualización de las calvas) introduce una posible limitación logística en términos de números de placas que pueden ser manipuladas y limita por tanto su aplicación a bibliotecas más pequeñas. No obstante, la utilidad del presente enfoque puede extenderse a grandes bibliotecas, si la biblioteca se reduce primero a un tamaño manejable. Esto puede hacerse, por ejemplo, por incorporación en el sistema de selección de un paso que pudiera eliminar grandes poblaciones de especies inestables, v.g., la adsorción de la biblioteca en una superficie de proteína A, o en una columna de interacción hidrófoba para eliminar proteínas deficientemente plegadas con superficies hidrófobas expuestas (Matsuura, T. et al., 2003). En este caso, el enfoque se utilizó para seleccionar  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  con buenas propiedades biofísicas en un fondo de  $V_{HS}$  y  $V_{LS}$  muy inestables. Sin embargo, puede ser más difícil seleccionar las especies "óptimas" de una biblioteca de mutantes que está poblada con proteínas que poseen estabilidades razonablemente satisfactorias. En este caso, las variantes principales pueden identificarse basándose en la tasa de formación de calvas utilizando tiempos de incubación más cortos, o basándose en criterios de tamaño de calva y frecuencia.

La presente estrategia de selección se puede extender a la identificación de fragmentos de anticuerpo estables y bien plegados, tales como los scFv y Fab, con la inclusión óptima, en el sistema de selección, de una etapa de fijación en la que intervenga la proteína L, A o cualquier ligando, así como armazones estables que no son de anticuerpo, y variantes de los mismos. Además, la correlación observada entre el tamaño de las calvas de los fagos y el rendimiento de la expresión del  $V_H$  significa que se puede utilizar la presente estrategia para adquirir versiones de alta expresión de proteínas que, si no, se expresaría poco o mal a partir de las genotecas de exposición en fagos de mutantes. Esta aplicación sería particularmente atractiva en el caso de las proteínas terapéuticas o de reactivos proteicos caros que se expresan mal, en donde el aumento de la expresión de la proteína compensaría significativamente el coste de producción de las proteínas.

## 10 Análisis de fijación de los pentámeros

Tanto los  $V_L$  como los  $V_H$  se prestan a la pentamerización, y la pentamerización se puede utilizar para convertir con rapidez un monómero de  $V_L$  o  $V_H$  de baja afinidad en un pentámero de  $V_L$  o  $V_H$  de alta afinidad. Tales pentámeros son agentes de detección y de diagnóstico muy valiosos. En tales aplicaciones, la fijación de un pentámero de  $V_L$  o  $V_H$  a su diana se puede detectar mediante una molécula indicadora, tal como una enzima (por ejemplo, peroxidasa de rábano picante o fosfatasa alcalina), o una molécula fluorescente conjugada al pentámero. Como alternativa, la fijación del pentámero se puede detectar mediante una molécula secundaria que se conjuga a la molécula indicadora. La molécula secundaria puede ser específica del propio pentámero o de una etiqueta del mismo, tal como una etiqueta 6His o una etiqueta c-Myc. Por ejemplo, una molécula secundaria típica es una inmunoglobulina.

Las interacciones entre los  $V_H$  y la proteína A, y los  $V_L$  con la proteína L son fundamentalmente diferentes de las que se dan entre los  $V_H$  y  $V_L$  con sus antígenos diana. En la fijación al antígeno de un  $V_H$  o un  $V_L$  intervienen tres bucles de fijación al antígeno que forman el sitio de combinación de un dominio de anticuerpo. En la fijación de la proteína A a un  $V_H$  con actividad de fijación a la proteína A y a un  $V_L$  con actividad de fijación a la proteína L intervienen sitios de fijación y restos de los dominios de anticuerpo que son totalmente independientes del sitio de combinación del anticuerpo. Así pues, un  $V_H$  con actividad de fijación a la proteína A puede fijarse simultáneamente a la proteína A y a su antígeno diana, y un  $V_L$  con actividad de fijación a la proteína L puede fijarse simultáneamente a la proteína L y a su antígeno diana. Ya que los presentes  $V_H$  y  $V_L$  tienen afinidad por las proteínas A y L, respectivamente, las proteínas A y L se pueden utilizar como la molécula secundaria para las aplicaciones de detección y de diagnóstico mencionadas más arriba. Los pentámeros de  $V_H$  y  $V_L$  de humano también se pueden utilizar para el tratamiento.

### Detección de patógenos mediante los pentámeros

La actividad de fijación a las proteínas A y L que tienen los  $V_H$  y  $V_L$  se puede utilizar para detectar bacterias que tienen la proteína A y/o la proteína L en la superficie. La proteína A está presente en la superficie de la bacteria patógena *Staphylococcus aureus*. Así pues, los  $V_H$  con actividad de fijación a la proteína A, tales como los descritos aquí, se puede utilizar para detectar *S. aureus*. De igual forma, los monómeros de  $V_L$  y los pentámeros de  $V_L$  con actividad de fijación a la proteína L se pueden utilizar para detectar bacterias, en particular bacterias patógenas, tal como *Peptostreptococcus magnus*, que tienen la proteína L en su superficie celular.

La proteína L está involucrada como factor de virulencia en la patogenia de *P. magnus* (Ricci, S. et al., 2001) en los humanos. En la vaginosis, se cree que la proteína L ejerce su efecto al entreconectarse con la IgE asociada a la superficie. Los monómeros y/o pentámeros de  $V_L$  con actividad de fijación a la proteína L tienen potencial terapéutico, ya que podrían interferir con la acción de entrecruzamiento con la IgE que tiene la proteína L.

La proteína A está involucrada como factor de virulencia en la patogenia de *S. aureus* en los humanos (Fournier, B. et al., 2004). Su virulencia se ha atribuido a su capacidad para interactuar con componentes del hospedador, lo que incluye la fijación a anticuerpos. Los monómeros y/o los pentámeros de  $V_H$  con actividad de fijación a la proteína A tienen la posibilidad de ser utilizados en tratamientos, ya que podrían interferir con la interacción de la proteína A con los componentes del hospedador.

## 45 EJEMPLOS

### Identificación y análisis de secuencia de $V_{HS}$ humanos monómeros

Durante el curso de la construcción de bibliotecas de  $V_H$  totalmente humanos y humanos llamizados, se descubrió que los fagos que exhibían  $V_{HS}$  llamizados monómeros formaban calvas mayores en céspedes bacterianos que los fagos que exhibían  $V_{HS}$  totalmente humanos con tendencias a agregación. Por ello, se utilizó el tamaño de las calvas como medio para la identificación de  $V_{HS}$  monómeros raros, existentes naturalmente a partir del repertorio de  $V_{HS}$  humanos (**Figura 1**). A este fin, se construyó una biblioteca de fagos que exhibía  $V_{HS}$  humanos con un tamaño de  $6 \times 10^8$  y se propagó en forma de calvas en placas de agar. En las placas de titulación, la biblioteca estaba constituida esencialmente por pequeñas calvas intercaladas con algunas grandes. La PCR en 20 clones reveló que las calvas pequeñas correspondían a los fagos que presentaban  $V_H$ , mientras que las grandes representaban los fagos de tipo salvaje, es decir, fagos que carecían de inserciones de la secuencia  $V_H$ . No se encontró ninguno de los fagos que presentaban  $V_H$  con morfología de calvas grandes. Esto no era inesperado, dada la escasez de los  $V_{HS}$  monómeros en el repertorio humano y el gran tamaño de la biblioteca. Para facilitar la identificación de  $V_{HS}$  monómeros, se

decidió reducir la biblioteca a un tamaño manejable y eliminar los fagos de tipo salvaje causantes de interferencia con morfología de gran tamaño de calva por lavado en batea de la biblioteca contra proteína A que se fija a un subconjunto de  $V_{HS}$  humanos de la familia  $V_{H3}$ .

Después de unas cuantas tandas de lavado en batea, la biblioteca se enriqueció en fagos que producían calvas grandes, y la PCR y la secuenciación de más de 110 de dichas calvas demostraron que todas ellas tenían marcos de lectura abiertos  $V_H$  completos. El tamaño de las calvas grandes que se seleccionaron para análisis se representa en la Figura 1. La secuenciación reveló 15  $V_{HS}$  diferentes que pertenecían a la familia  $V_{H3}$  y utilizaban segmentos V de línea germinal DP-38, DP-47, V3-49, V3-53, YAC-5 u 8-1B (**Tabla 1; Figura 2**). Las secuencias de línea germinal DP-38 y DP-47 se han visto implicadas con anterioridad en fijación de proteína A. Adicionalmente, todos los  $V_{HS}$  tenían un residuo Thr en la posición 57 (**Figura 2**), consistente por su actividad de fijación de proteína A. El segmento V de la línea germinal utilizado más frecuentemente era DP-47, que existía en más del 50% de los  $V_{HS}$ , pero el clon más frecuente (a saber, HVHP428; frecuencia relativa 46%) utilizaba el segmento V de la línea germinal V3-49. HVHP429, con una secuencia de línea germinal DP-47, era el segundo  $V_H$  más abundante con una frecuencia relativa de 21% (**Figura 2**). Las longitudes de CDR3  $V_H$  abarcaban desde 4 aminoácidos para HV<sub>H</sub>B82 hasta 16 aminoácidos para los aminoácidos de HVHP430, teniendo HVHP430 un par de residuos Cys en CDR3. Se observaron mutaciones de aminoácidos con respecto a las secuencias del segmento V de la línea germinal parental (residuos 1-94) y FR4 (residuos 103-113), en todos los  $V_{HS}$  y estaban comprendidas entre dos mutaciones para HVHP44 (L5V y Q105R) y HV<sub>H</sub>B82 (E1Q y L5Q) hasta 16 mutaciones para HVHP426 (Tabla 1). Las mutaciones se concentraban en los segmentos V; se detectaron sólo dos mutaciones en la totalidad de los 15 FR4s, en las posiciones 105 y 108. HVHP44 y HV<sub>H</sub>B82 diferían de otros  $V_{HS}$  en que los mismos tenían un aminoácido cargado positivamente en la posición 105 en lugar de una Gln (**Tabla 1; Figura 2**). No obstante, si bien el aminoácido con carga positiva en HVHP44 se adquiría por mutación, el de HV<sub>H</sub>B82 estaba codificado en la línea germinal. Excepto en lo que respecta a HVHP423 y HVHP44B, los  $V_{HS}$  restantes tenían los residuos de la línea germinal en las posiciones de solubilidad principales: 37V/44G/45L/47W o 37F/44G/45L/47W (HVHP428; HVHP423 y HVHP44B tenían una mutación V37F. Las mutaciones en otras posiciones que se demuestra o se supone son importantes en la solubilidad de  $V_H$  incluían siete E6Q, tres S35T/H, una R83G y una K83R, una A84P y una T84A y una M108L. Se observaban también mutaciones frecuentes en las posiciones 1 y 5 que incluían once E1Q, ocho L5V/Q y una mutación V5Q.

#### Caracterización biofísica de los $V_{HS}$ humanos

Todos los  $V_{HS}$  excepto HVHP44B, que era esencialmente el mismo que HVHP423, se expresaban en volúmenes de cultivo de 1 litro en la cepa TG1 de *E. coli* en fusión con el marcador c-Myc-His5 y se purificaron hasta homogeneidad de extractos periplásmicos por cromatografía de afinidad por iones metálicos inmovilizados (IMAC). Los rendimientos de expresión oscilaban desde 1,8 a 62,1 mg de proteína purificada por litro de cultivo bacteriano en matraces de sacudidas, teniendo la mayoría de los  $V_{HS}$  rendimientos de varios miligramos (Tabla 2). En el caso de HVHP423 y HVHP430, otra prueba en condiciones de expresión "aparentemente" iguales dieron rendimientos de 2,4 y 6,4 mg frente 62,1 y 23,7 mg, respectivamente. Esto implica que para muchos de los  $V_{HS}$  descritos en esta memoria deberían alcanzarse condiciones de expresión óptimas, sin mucho esfuerzo, dando como resultado rendimientos de expresión significativamente mayores que los valores consignados en la Tabla 2. Como era de esperar, la totalidad de los  $V_{HS}$  se fijaban a la proteína A en análisis de resonancia de plasmones de superficie (SPR), con KDs de 0,2-3  $\mu$ M, un intervalo y magnitud comparables a los consignados previamente para variantes de  $V_{HH}$  de llama con actividad de fijación de proteína A. Ninguno de los  $V_{HS}$  se fijaba a la superficie de referencia de Fab.

La tendencia a la agregación de los  $V_{HS}$  humanos se evaluó en términos de sus estados de oligomerización por cromatografía de filtración en gel y NMR (Tabla 2). Todos los  $V_{HS}$  se sometieron a cromatografía de filtración en gel Superdex 75. Análogamente a un  $V_{HS}$  de llama, es decir, H11C7, todos los  $V_{HS}$  daban un soplo pico simétrico para el volumen de elución esperado para un monómero, y estaban sustancialmente exentos de cualesquiera agregados (véase el ejemplo para HVHP428 en la Figura 3A). En contraste, un  $V_H$  humano típico (a saber, BT32/A6) formaba una cantidad considerable de agregados. Para tres de los  $V_{HS}$ , se observó también un pico menor con una movilidad esperada para un dímero de  $V_H$ . Los análisis SPR de los picos menores daban valores de tasa de disociación que eran significativamente más lentos que los correspondientes a los  $V_{HS}$  monómeros, consistentes con el hecho de que se trataba de dímeros. El pico del dímero se observó también en el caso del  $V_{HH}$  de llama, H11C7. Los estados de plegado y oligomerización de los  $V_{HS}$  a concentraciones altas se estudiaron ulteriormente por espectroscopia NMR. Como se muestra en la Tabla II, todas las proteínas  $V_H$  estudiadas parecían ser relativamente solubles y asumían una estructura tridimensional bien plegada. Los espectros NMR unidimensionales de los fragmentos  $V_H$  (Fig. 3B) exhibían pliegues estructurales característicos de dominios  $V_H$ . El estado de agregación de las proteínas se evaluó también por el uso de un experimento de difusión PFG-NMR para el fragmento HVHP414 y dos isoformas,  $V_{H14}$  y  $V_{H14}$ -cMyc- con y sin la secuencia c-Myc, del HVHP414.  $V_{H14}$  es una versión modificada de HVHP414 con una mutación c-Myc N132E y con un residuo metionina adicional en el término N. En resumen, los datos PFG-NMR (no presentados) indicaban que todas las muestras de proteína tenían los pesos moleculares monómeros esperados incluso a las concentraciones de proteína relativamente altas utilizadas para los experimentos NMR.

- Se investigó ulteriormente la estabilidad de los  $V_{HS}$  en términos de su resistencia a tripsina respecto a la integridad a 37°C después de incubaciones largas a 37°C. La tripsina escinde las cadenas principales amídicas de los polipéptidos en el término C de un residuo Arg o Lys. Existen 9-13 residuos Arg y Lys en los  $V_{HS}$  humanos (**Figura 2**). Existe también un residuo Lys adicional en el marcador c-Myc del terminal C que es sensible a la digestión por tripsina. La **Figura 4a** es un análisis SDS-PAGE de HVHP414 durante la digestión con tripsina. En el transcurso de una hora, la banda original se convertía completamente en un producto simple que tenía una movilidad esperada para el  $V_H$  sin marcador c-Myc-His<sub>5</sub> alguno. Se obtuvo el mismo resultado para otros 12  $V_{HS}$  después de una incubación de una hora con tripsina. La espectrometría de masas en una muestra seleccionada al azar de los  $V_{HS}$  tratados con tripsina (a saber, HVHP414, HVHP419, HVHP420, HVHP423, HVHP429, HVHP430 y HVHM81) confirmó que en todos los casos la masa molecular del producto digerido correspondía a un  $V_H$  con el c-Myc Lys como el residuo C-terminal. HVHM41 daba un fragmento significativamente más corto que el resto después de digestión, y en este caso los experimentos de espectrometría de masas mapeaban el sitio de escisión al Arg 99 en CDR3 (datos no presentados).
- Once  $V_{HS}$  comprendidos en concentración desde 0,32 mg/ml (HVHP428) hasta 3,2 mg/ml (HVHP420) se incubaron a 37°C durante 17 días. Su estabilidad se determinó subsiguientemente en términos de estado de oligomerización y fijación de proteína A. Como se demostró por cromatografía de permeación en gel, el tratamiento de  $V_{HS}$  a 37°C no producía formación alguna de agregados: todos los  $V_{HS}$  daban perfiles de cromatograma que eran virtualmente idénticos a los de  $V_{HS}$  sin tratar y se mantenían esencialmente como monómeros (véase el ejemplo para HVHP420; **Figura 4c**). Para asegurar que los  $V_{HS}$  mantenían su plegamiento nativo después del tratamiento a 37°C, se seleccionaron al azar dos  $V_{HS}$ , a saber, HVHP414 (1,2 mg/ml) y HVHP420 (3,2 mg/ml), y se determinaron sus  $K_{DS}$  de fijación a la proteína A por SPR (datos presentados para HVHP420; recuadro en la **Figura 4c**) y se compararon con los  $K_{DS}$  obtenidos para  $V_{HS}$  sin tratar (Tabla 2). Los  $K_{DS}$  calculados para los  $V_{HS}$  tratados térmicamente eran 1,4  $\mu$ M y 1,0  $\mu$ M para HVHP414 y HVHP420, respectivamente. Estos valores son esencialmente idénticos a los valores correspondientes para los  $V_{HS}$  sin tratar (Tabla 2), demostrando que el tratamiento de  $V_{HS}$  a 37°C no afectaba a su plegamiento nativo. La posibilidad de que los  $V_{HS}$  puedan haber estado en un plegamiento no nativo menos compacto durante los periodos de incubación a 37°C y hayan adquirido nuevamente su plegamiento nativo después de volver a la temperatura ambiente durante los experimentos de filtración en gel y SPR es poco probable en vista del hecho de que los  $V_{HS}$  eran resistentes a tripsina a 37°C (véase arriba), una propiedad asociada típicamente para proteínas nativas bien plegadas.
- La eficiencia de repliegado (*RE*) de los  $V_{HS}$  humanos se investigó por comparación de los valores  $K_{DS}$  de la fijación de los  $V_{HS}$  nativos ( $K_{Dn}$ ) y los replgados y tratados térmicamente ( $K_{Dref}$ ) a la proteína A (**Tanha, J. et al., 2002**). Cuando se desactiva una fracción del  $V_H$  por tratamiento térmico, el valor  $K_D$  medido sería mayor, dado que este parámetro está basado en la concentración de fragmento de anticuerpo plegado, es decir, activo. Así, la ratio de  $K_{Dn}$  a  $K_{Dref}$  da una medida de la *RE* de  $V_H$ . La **Figura 5** compara sensogramas para fijación de HVHP423 a proteína A inmovilizada en estados nativo (líneas gruesas) y replgado (líneas delgadas) para varias concentraciones de  $V_H$  seleccionadas. Como puede verse, la fijación del  $V_H$  replgado a la proteína A es menor en todos los casos, lo que indica que el desplegado no es totalmente reversible. Para cada uno de los 14  $V_{HS}$ , se midió la fijación a la proteína A en ambos estados nativo y replgado a varias concentraciones, y se determinaron los valores  $K_{DS}$  y subsiguientemente *REs* (**Tabla 2**, no se muestran los valores  $K_{Dref}$ ). Se determinaron también los valores  $K_{DS}$  y *REs* de dos  $V_{HHs}$  anti-idiotípicos de llama, H11F9 y H11B2, que se utilizaron como referencias. Cuatro  $V_{HS}$  tenían *REs* en el intervalo de 92%-95%, similares a las *REs* para H11F9 y H11B2, 95% y 100%, respectivamente. Otros cinco tenían *REs* en el intervalo de 84%-88% y tres superiores a 70%. Únicamente dos tenían *RE* significativamente menor: HVHP413 (52%) y HVHP421 (14%). Varios  $V_{HHs}$  publicados examinados con anterioridad tenían *RE* próxima a 50% (**van der Linden, R.H. et al., 1999**).
- Construcción y lavado en batea de bibliotecas de presentación de fago  $V_H$  humanas.** Se sintetizó cDNA a partir de mRNA de bazo humano (Ambion Inc., Austin, TX) utilizando iniciadores hexanucleotídicos aleatorios y el kit de DNA de la Primera Cadena™ (GE Healthcare, Baie d'Urfé, QC, Canadá). Utilizando los cDNAs como molde, genes de  $V_H$  con secuencias  $C_H$  flanqueantes se amplificaron por la reacción en cadena de polimerasa (PCR) en nueve reacciones separadas utilizando iniciadores específicos de la región de entramado 1 (FR1) de  $V_H$  y un iniciador específico de inmunoglobina M (**de Haard, H.J. et al., 1999**). Los productos se purificaron en gel y se utilizaron como el molde en la segunda tanda de PCR para construir genes de  $V_H$  utilizando los iniciadores específicos de FR1 y FR4 (**de Haard, H.J. et al., 1999**) que introdujeron también sitios de restricción flanqueantes *ApalI* y *NotI* para propósitos de clonación. Los DNAs resultantes del repertorio  $V_H$  se clonaron en el vector de fago fd-tetGIIID y se construyó una biblioteca de presentación de fago de  $V_H$  (**Tanha, J. et al., 2001**). El lavado en batea contra proteína A (Amersham Biosciences Inc.) se realizó como ha sido descrito (**Tanha, J. et al., 2001**). La asignación de secuencias de la línea germinal de los  $V_{HS}$  seleccionados se realizó utilizando el software DNAPLOT, Version 2.0.1 y V BASE Version 1.0. (<http://vbase.dnaplot.de/cgi-bin/vbase/vsearch.pl>). Se aislaron los  $V_{HHs}$  de llama H11C7, H11F9 y H11B2 de una biblioteca de presentación de fagos  $V_{HH}$  de llama por lavado en batea contra H11 scFv como se ha descrito (**Tanha, J. et al., 2002**).
- Expresión y purificación de  $V_H$ .** Se clonaron  $V_{HS}$  en vectores de expresión pSJF2 por técnicas estándar de clonación (**Sambrook, J. Fritsch E.F. y Maniatis P, 1989**). La expresión periplásmica de sdAbs y la purificación subsiguiente por cromatografía de afinidad metálica inmovilizada (IMAC) se realizaron como se ha descrito

(Muruganandam, A. *et al.*, 2002). Las concentraciones de proteínas se determinaron por medidas de  $A_{280}$  utilizando los coeficientes de absorción molar calculados para cada proteína (Pace, C.N. *et al.*, 1995). La cromatografía de filtración en gel de los  $V_{HS}$  purificados se realizó en una columna Superdex 75 (GE Healthcare) como ha sido descrito (Deng, S.J. *et al.*, 1995).

- 5 **Experimentos de eficiencia de fijación y replegado.** Las constantes de disociación de equilibrio ( $K_{Ds}$ ) y las eficiencias de replegado ( $REs$ ) de  $V_{HS}/V_{HHS}$  se derivaron de datos de resonancia de plasmones de superficie (SPR) recogidos con el sistema biosensor BIACORE 3000 (Biacore Inc., Piscataway, NJ). Para medir la fijación de  $V_{HS}$  a la proteína A, se inmovilizaron 2000 unidades de resonancia (RUs) de proteína A o un fragmento de fijación de antígeno (Fab) de referencia sobre chips sensores CM5 de grado investigación (Biacore Inc.). Las inmovilizaciones se realizaron a concentraciones de 25  $\mu\text{g/ml}$  (proteína A) o 50  $\mu\text{g/ml}$  (Fab) en tampón de acetato de sodio 10 mM de pH 4,5, utilizando el kit de acoplamiento de aminas proporcionado por el fabricante. Para medir la fijación de los  $V_{HHS}$  anti-idiotípicos de llama a H11 scFv, se inmovilizaron 4100 RUs de H11 scFv de 50  $\mu\text{g/ml}$  o 3000 RUs de Se155-4 IgG de referencia de 10  $\mu\text{g/ml}$ , como se ha descrito arriba. En todos los casos, los análisis se realizaron a 25°C en HEPES 10 mM, de pH 7,4, que contenía NaCl 150 mM, EDTA 3 mM y 0,005% de P20 a un régimen de flujo de 40  $\mu\text{l/min}$ , y las superficies se regeneraron por lavado con el tampón de desplazamiento. Para determinar las actividades de fijación de las proteínas replegadas, se desnaturalizaron  $V_{HS}$  o  $V_{HHS}$  por incubación a 85°C durante 20 min a concentraciones de 10  $\mu\text{g/ml}$ . Las muestras de proteína se enfriaron luego a la temperatura ambiente durante 30 min y se replegaron y centrifugaron subsiguientemente en una microcentrífuga a 14000 rpm durante 5 min a la temperatura ambiente para eliminar cualesquiera precipitados de proteína. Se recuperaron los sobrenadantes y se analizaron respecto a actividad de fijación por SPR como se ha descrito arriba. Tanto para las proteínas plegadas como para las replegadas, se ajustaron los datos a un modelo de interacción 1:1 simultáneamente utilizando software BIAevaluation 4.1 (Biacore Inc.) y se determinaron subsiguientemente los valores  $K_{Ds}$ . Los valores  $REs$  se determinaron a partir de

$$RE = \frac{K_{Dn}}{K_{Dref}} \times 100$$

- 25 donde  $K_{Dn}$  es el valor  $K_D$  de la proteína nativa y  $K_{Dref}$  es el valor  $K_D$  de la proteína replegada.

- Experimentos de digestión con tripsina.** Se añadieron 3  $\mu\text{l}$  de una tripsina de grado secuenciación de 0,1  $\mu\text{g/ml}$  recién preparada (Hoffmann-La Roche Ltd., Mississauga, ON, Canadá) en HCl 1 mM a 60  $\mu\text{g}$  de  $V_H$  en tampón Tris-HCl 100 mM de pH 7,8. Las reacciones de digestión se realizaron en un volumen total de 60  $\mu\text{l}$  durante 1 hora a 37°C y se pararon por adición de 5  $\mu\text{l}$  de inhibidor de tripsina de 0,1  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  (Sigma, Oakville, ON, Canadá). Una vez completada la digestión, se retiraron 5  $\mu\text{l}$  y se analizaron por SDS-PAGE; el resto se desaló utilizando ZipTip<sub>C4</sub> (Millipore, Nepean, ON, Canadá), se eluyó con ácido acético al 1% en metanol:agua 50:50 y se sometió a determinación de la masa de  $V_H$  por espectrometría de masas MALDI.

- Estudios de estabilidad de las proteínas a 37°C.** Anticuerpos mono-dominio (sdAbs) a concentraciones de 0,32-3,2 mg/ml se incubaron a 37°C en tampón PBS durante 17 días. Después de la incubación, las muestras de proteína se centrifugaron en una microcentrífuga a la velocidad máxima durante 5 min incluso en ausencia de cualquier formación visible de agregados. Las muestras se aplicaron luego a una columna de exclusión por tamaños Superdex 75 (GE Healthcare) y los picos de monómero se recogieron para análisis SPR contra proteína A. Los análisis SPR se efectuaron como se ha descrito arriba excepto que se inmovilizaron 500 RUs de proteína A o Fab de referencia y que las inmovilizaciones se realizaron a concentración de 50  $\mu\text{g/ml}$ .

- 40 **Experimentos NMR.** Muestras de  $V_H$  para análisis NMR se disolvieron en fosfato de sodio 10 mM, NaCl 150 mM, EDTA 0,5 mM, y  $\text{NaN}_3$  al 0,02% a pH 7,0. Las concentraciones de proteína eran 40  $\mu\text{M}$ -1,0 mM. Todos los experimentos NMR se realizaron a 298 K en un espectrómetro Bruker Avance-800 o Bruker Avance-500 NMR. Los espectros  $^1\text{H}$  NMR unidimensionales (1D) se registraron con 16384 puntos de datos y las anchuras espectrales eran 8992,81 Hz a 500 MHz y 17605,63 Hz a 800 MHz, respectivamente. Se adquirieron espectros  $^1\text{H}$ - $^1\text{H}$ -NOESY bidimensionales de 2048 x 400 puntos de datos en un espectrómetro Bruker Avance-800 NMR con una anchura espectral de 11990,04 Hz y un tiempo de mezcla de 120 ms. En todos los experimentos NMR, la supresión del agua se consiguió utilizando el método WATERGATE implementado por el tren de impulsos 3-9-19 (Piotto, M. *et al.*, 1992; Sklenar, V. *et al.*, 1993). Los datos NMR se procesaron y analizaron utilizando el paquete de software Bruker XWINNMR. Todas las medidas de difusión PFG-NMR se realizaron con la secuencia LED previa supresión del agua (Altieri, A.S. *et al.*, 1995), en un espectrómetro Bruker Avance-500 NMR, equipado con una sonda de resonancia triple con gradientes triaxiales. Los espectros unidimensionales de protones se procesaron y analizaron utilizando el paquete de software Bruker XWINNMR. Las intensidades de las señales NMR se obtuvieron por integración de los espectros NMR en la región de los protones de metilo y metileno (2,3 ppm a -0,3 ppm), donde todas las señales NMR se atenúan uniformemente para todas las concentraciones de PFG dadas.

- 55 **Construcción y lavado en batea de bibliotecas de presentación de fago humanas  $V_L$ .** Se sintetizaron cDNAs a partir de mRNA de bazo humano como se ha descrito arriba para los  $V_{HS}$  humanos. Se utilizó el cDNA como molde

en la PCR para amplificar los genes  $V_L$  en volúmenes de reacción de 50  $\mu$ l utilizando seis iniciadores  $V_K$  inversos, once iniciadores  $V_\lambda$  inversos (de Haard, H.J. *et al.*, 1999), cuatro iniciadores  $V_K$  directos y dos iniciadores  $V_\lambda$  directos (Sblattero, D. *et al.*, 1998). Los iniciadores inversos y directos se modificaron de modo que tuvieran sitios de restricción flanqueantes *Apa* LI y *Not* I, respectivamente, para propósitos de clonación subsiguientes. Los iniciadores directos se agruparon en ratios que reflejaban su grado de degeneración. Los genes  $V_\lambda$  se sometieron a PCR en once reacciones separadas utilizando los iniciadores directos  $V_\lambda$  agrupados y once iniciadores inversos  $V_\lambda$  individuales. Análogamente, los genes  $V_\lambda$  se amplificaron en seis reacciones separadas utilizando los iniciadores directos  $V_K$  agrupados y seis iniciadores inversos  $V_\lambda$  individuales. Los productos PCR se agruparon, se purificaron en gel y se digirieron con las endonucleasas de restricción *Apa* LI y *Not* I. La biblioteca se construyó como se describe para los  $V_{HS}$  humanos. La PCR de las calvas se realizó sobre colonias de bibliotecas individuales y los genes  $V_L$  amplificados se secuenciaron como se ha descrito (Tanha, J. *et al.*, 2003). El lavado en batea contra la proteína L (Biolynx Inc., Brockville, ON, Canadá) y la asignación de la secuencia de la línea germinal de los  $V_{HS}$  seleccionados se realizaron como se ha descrito arriba para la biblioteca  $V_H$  humana.

**Expresión y purificación de  $V_L$ .** La expresión, purificación, determinación de la concentración y cromatografía de filtración en gel de  $V_L$  se realizaron como se ha descrito para  $V_{HS}$  en "expresión y purificación de  $V_H$ ".

**Expresión y purificación de pentámeros de  $V_L$  y  $V_H$ .** Se utilizaron iniciadores específicos en una PCR para amplificar los genes HVHP328  $V_H$  y HVLP335  $V_L$ . Se utilizaron técnicas estándar de clonación para clonar los genes HVHP328 y HVLP335 en fusión con el gen del dominio de pentamerización VT1B en un vector de expresión para producir pentámeros HVHP328PVT2 y HVLP335PTV2, (Zhang, J. *et al.*, 2004). Los pentámeros se expresaron y purificaron como se ha descrito (Zhang, J. *et al.*, 2004). Las concentraciones de proteína se determinaron como anteriormente.

**Resonancia de plasmones de superficie de  $V_L$ s.** Las cinéticas de fijación para la interacción de los  $V_L$ s a la proteína L se determinaron por SPR utilizando el sistema biosensor BIACORE 3000 (Biacore, Inc., Piscataway, NJ). 680 RUs de proteína L u 870 RUs de una referencia Fab se inmovilizaron sobre chips sensores CM5 de grado investigación (Biacore). Las inmovilizaciones se llevaron a cabo a una concentración de proteína de 50  $\mu$ g/ml en tampón de acetato 10 mM de pH 4,5 utilizando el kit de acoplamiento de aminas suministrado por el fabricante. Todas las medidas se realizaron a 25°C en tampón HEPES 10 mM de pH 7,4, que contenía NaCl 150 mM, EDTA 3 mM y 0,005% de P20 a un régimen de flujo de 50  $\mu$ l/min o 100  $\mu$ l/min. Las superficies se regeneraron por lavado con el tampón de desplazamiento. Los datos se evaluaron utilizando el software BIAevaluation 4.1 (Biacore, Inc.).

**Resonancia de plasmones de superficie de los pentámeros de  $V_L$  y  $V_H$ .** Se determinaron también por SPR las cinéticas de fijación para la interacción de HVHP328PVT2 con proteína A y HVLP335PTV2 con proteína L. Se inmovilizaron como anteriormente 520 RUs de proteína A o una Fab de referencia. Para el pentámero de  $V_L$ , se utilizaron las mismas superficies preparadas anteriormente. Las medidas se efectuaron como anteriormente pero a un régimen de flujo de 20  $\mu$ l/min. Las superficies se regeneraron por lavado con HCl 50 mM durante 3 s. Los datos se evaluaron como se ha descrito para los monómeros.

#### Microaglutinación de células

Se utilizó una sola colonia de *S. aureus* de una placa BHI para inocular 15 ml de medio BHI. Las bacterias se dejaron crecer durante una noche a 37°C a 200 rpm. A la mañana siguiente, se centrifugó el cultivo en una centrífuga Sorvall RT6000B refrigerada de cubeta oscilante a 4000 rpm durante 10 min, se retiró el sobrenadante y el sedimento de células se resuspendió en tampón PBS. Se centrifugaron de nuevo las células, se retiró el sobrenadante y el sedimento de células se resuspendió de nuevo en tampón PBS. Se diluyeron las células a un valor  $A_{600}$  de 1,0, y se extendieron diluciones en serie de las células en placas BHI a 37°C para crecimiento durante la noche. A la mañana siguiente se determinó el título de células. Un valor  $A_{600}$  de 1,0 correspondía a  $1,5 \times 10^9$  células  $ml^{-1}$ . Se dieron pasos idénticos para preparar células de la cepa TG1 de *E. coli* para ensayos subsiguientes de microaglutinación, excepto que el medio de crecimiento era 2 x YT. Los recuentos viables fueron similares,  $A_{600}$  1,0 =  $2,1 \times 10^9$  células  $ml^{-1}$ .

Para realizar los ensayos de microaglutinación, se realizaron diluciones al doble de HVHP328PVT2 en PBS de los pocillos 1 a 11 en una placa de microtitulación. El pocillo 12 (blanco) tenía únicamente PBS. El volumen total en cada pocillo era 50  $\mu$ l. Subsiguientemente, se añadieron  $1 \times 10^8$  células de *S. aureus* en 50  $\mu$ l de PBS a todos los pocillos, y la placa se incubó durante una noche a 4°C. Para lograr un registro permanente de los resultados, se tomó una fotografía de la placa durante la mañana. Para el experimento de control de pentámeros, se reemplazó HVHP328PVT2 con el pentámero de  $V_L$ , HVLP335PTV2. En los experimentos de control de células, se repitieron las dos mismas series de experimentos con células TG1 de *E. coli*.

#### Identificación y análisis de la secuencia de $V_L$ s humanos monómeros

Se aplicó esencialmente el mismo método de selección empleado para aislar  $V_{HS}$  solubles de una biblioteca de presentación de fago  $V_H$  humana a una biblioteca  $V_L$  humana para aislar los  $V_L$ s solubles monómeros. Se construyó una biblioteca  $V_L$  humana con un tamaño de  $3 \times 10^6$ . Se seleccionaron 24 calvas de las placas de titulación de la

biblioteca y sus genes  $V_L$  se sometieron a PCR y se secuenciaron. Las secuencias eran diversas en términos de origen de la línea germinal, aunque el 75% de los  $V_L$ s eran de origen  $V\lambda$  (datos no presentados). Tres tandas de lavado en batea contra la proteína L dieron como resultado el enriquecimiento de calvas grandes. Treintainueve de las calvas grandes se secuenciaron y se identificaron treinta y dos secuencias singulares (**Figura 6**). HVLP325, HVLP335 y HVLP351 aparecían con frecuencia de 3, 4 y 2, respectivamente. Excepto HVLP389 que es de la clase lambda (subgrupo  $V\lambda 1$ , línea germinal 1b), los 31  $V_L$  restantes pertenecían a la clase  $V_k$ . De los 31  $V_L$ s Kappa, 24 caen dentro del subgrupo  $V_{kIII}$  y 7 dentro del subgrupo  $V_{k1}$ . Dieciséis de las 24 secuencias  $V_{kIII}$  utilizan la secuencia de línea germinal L6, utilizando las restantes las secuencias de línea germinal A27, L2 y L6. Los  $V_L$ s del subgrupo  $V_{k1}$  se originan a partir de la secuencia de línea germinal O2/O12 o A30. En la posición 96 se producían mutaciones notables. Los aminoácidos de la línea germinal en esta posición son aminoácidos aromáticos e hidrófobos Trp, Phe, Tyr, Leu o Ile para  $V_L$ s kappa y Tyr, Val o Ala para los  $V_L$ s lambda. Pero en la agrupación seleccionada de  $V_L$ s kappa únicamente 5 de 31 tienen sus aminoácidos de la línea germinal en la posición 96: HVLP325, HVLP349, HVLP388, HVLP3109 y HVLP393. Veintiún aminoácidos en la posición 96 están cargados, de los cuales 20 tienen carga positiva: Arg, Lys o His. Dos aminoácidos son Pro, uno Gln, uno Ser y uno Thr. De siete  $V_L$ s kappa analizados por cromatografía de filtración en gel respecto a carácter monómero, seis que tenían Arg o Lys en la posición 96 eran también monómeros, en tanto que HVLP325 con el aminoácido Leu de la línea germinal en la posición 96 formaba agregados (véase más adelante). Análogamente, HVLP389 que era de la clase lambda y tenía una mutación de la línea germinal a Ser era también monómero (véase más adelante). Estos datos correlacionan la desviación de los aminoácidos de la línea germinal en la posición 96 (27 de 32) con propiedades biofísicas mejoradas de  $V_L$ s tales como el carácter monómero.

Dieciocho  $V_L$ s de la clase kappa tenían sus tres últimos residuos (105-107) reemplazados con aminoácidos Thr, Val y Leu que se encuentran únicamente en los  $V_L$ s lambda. Estas sustituciones pueden haber tenido un papel en la mejora de las propiedades biofísicas de los  $V_L$ s kappa, dando como resultado la selección de los  $V_L$ s mencionados anteriormente sobre los clones parentales con los residuos kappa originales en la posición 105-107.

## 25 Caracterización de los $V_L$ s humanos

Ocho de los  $V_L$ s seleccionados con orígenes diferentes de la línea germinal V se expresaron en *E. coli* en cultivos de 1 litro y se purificaron: HVLP324, HVLP325, HVLP335, HVLP342, HVLP351, HVLP364, HVLP389 y HVLP3103 (Tabla 6). Todos ellos se expresaban con buenos rendimientos comprendidos entre 6,2 mg para HVLP324 y alrededor de 75 mg para HVLP335 y HVLP364.

La tendencia a la agregación de los  $V_L$ s humanos se evaluó en términos de su estado de oligomerización por cromatografía de filtración en gel. Los  $V_L$ s se sometieron a cromatografía de filtración en gel Superdex 75 a una concentración de 0,6 mg/ml. Todos excepto HVLP325 estaban esencialmente exentos de agregados y daban picos simples simétricos con el peso molecular medio aparente de 12,7 kDa (intervalo, 6,2-19,2 kDa) (**Figura 7a y Tabla 3**). Esto está de acuerdo con la masa molecular esperada para  $V_L$ s monómeros, 13,4-13,8 kDa. La variación de masa molecular aparente para anticuerpos mono-dominio ha sido consignada previamente (Jespers, L. *et al.*, 2004a; Stevens, F.J. *et al.*, 1980). Para HVLP325, los agregados formaban 11% de la proteína total (agregado más monómero). HVLP351, HVLP342, HVLP335 y HVLP3103 eran todavía monómeros cuando se testaron a su máxima concentración disponible, a saber, 0,89 mg/ml, 1,0 mg/ml, 4,9 mg/ml y 5,9 mg/ml, respectivamente (**Figura 7B**).

Se sometieron los  $V_L$ s a cromatografía con Superdex-75 antes del análisis BIACORE y los picos de monómero purificados se recogieron incluso en ausencia de cualquier evidencia de material agregado. En el análisis SPR, todos los  $V_L$ s seleccionados se fijaban a proteína L (**Figura 8**). Esto no era inesperado, dado que los  $V_L$ s se aislaron por lavado en batea contra proteína L. Para todos ellos, los valores  $K_{DS}$  de fijación a proteína L estaban comprendidos entre 0,6 y 3  $\mu$ M (Tabla 3). HVLP324 y HVLP342 tenían valores  $K_{DS}$  adicionales más pequeños, 10 nM y 40 nM, respectivamente. Las fijaciones de afinidad baja y de afinidad alta de los  $V_L$ s del subgrupo  $V_{k1}$  a la proteína L han sido consignadas previamente (referencia). Ambos, HVLP324 y HVLP342, pertenecen al subgrupo  $V_{k1}$  (**Tabla 3**). Como era de esperar, los datos cinéticos y de equilibrio eran consistentes con el hecho de que pico monómero fuera realmente monómero.

## Análisis de fijación de pentámeros

Las fijaciones del pentámero HVHP328PVT2 a proteína A y del pentámero HVLP335PTV2 a proteína L se determinaron por resonancia de plasmones de superficie (**Figura 9**). Las tasas de asociación se calcularon independientemente a partir de gráficas de  $k_{obs}$  frente a la concentración. Pudo calcularse más de una tasa de disociación ( $k_d$ ) debido a la heterogeneidad en fijación multivalente entre la población de pentámeros. Por esta razón, pudo obtenerse más de una constante de disociación de equilibrio,  $K_D$ . HVHP328PTV2 y HVLP335PTV2 tenían valores  $K_{DS}$  mínimos de 2 mM y 200 pM, respectivamente (**Tabla 4**). Con  $K_{DS}$  más lentas, HVHP328PTV2 y HVLP335PTV2 tenían valores  $K_{DS}$  tan bajos como 900 y 90 pM, respectivamente.

## Detección de patógenos por $V_L$ s y $V_H$ s

La actividad de fijación a proteína A y L de los V<sub>HS</sub> y V<sub>LS</sub> puede utilizarse para detectar bacterias que tienen proteína A y/o L en sus superficies. Esto es posible si los V<sub>HS</sub> y V<sub>LS</sub> son solubles y monómeros (falta de tendencia a agregarse) tales como los V<sub>HS</sub> y V<sub>LS</sub> de esta invención. Los dominios variables derivados de anticuerpos que carecen de cadenas ligeras tales como los anticuerpos de cadena pesada de Camélidos o los IgNARs de tiburón nodriza o tiburón alfombra son naturalmente solubles y monómeros. De éstos, los que poseen actividad de fijación a proteína A y L pueden utilizarse también para detectar bacterias que tienen proteína A y/o L en sus superficies. La proteína A está presente en la superficie de las bacterias patógenas, *Staphylococcus aureus*. Así, los V<sub>HS</sub> con actividad de fijación a proteína A tales como los descritos en esta memoria pueden utilizarse para detectar *S. aureus*. Los inventores realizaron un ensayo de microaglutinación para detectar la capacidad del pentámero de V<sub>H</sub> HVHP328PVT2 para fijarse a *S. aureus*. Se incubaron un número constante de células bacterianas con diluciones al doble de HVHP328PVT2 en pocillos de microtitulación (pocillos 1-11) (**Figura 10**). El pocillo 12 contenía tampón en lugar del pentámero. Si los V<sub>HS</sub> se fijan a las células bacterianas, entonces el pentámero, debido a su naturaleza multímera, debería ser capaz de reticular las células y dar como resultado aglutinación celular. Las células aglutinadas aparecerán como células difusas en un pocillo de microtitulación (**Figura 10**). En ausencia de cualquier fijación, no ocurriría aglutinación alguna, es decir ausencia de aglutinación, y las células aparecerán como una mancha en el fondo del pocillo. Como se muestra en la Figura 10, el pentámero se fija al *S. aureus*, dado que existe aglutinación de células. La aglutinación se observa hasta el pocillo 7. Más allá del pocillo 7, la concentración del pentámero es demasiado baja para la fijación, por lo que no se produce ya aglutinación alguna. El pentámero de control V<sub>L</sub> no exhibe aglutinación alguna, demostrando la especificidad del pentámero V<sub>H</sub> para *S. aureus* (**Figura 10**). La fijación es también específica en cuanto a las células, dado que el pentámero V<sub>H</sub>, como era de esperar, no aglutina células de *E. coli* (cepa TG1) o de *Salmonella* (datos no presentados). Análogamente, los monómeros de V<sub>L</sub> y pentámeros de V<sub>L</sub> con actividad de fijación para proteína L pueden utilizarse para la detección de bacterias, en particular bacterias patógenas tales como *Peptostreptococcus magnus*, que tienen proteína L en la superficie de sus células.

#### Lista de referencias

- Bai, Y. y Feng, H. (2004). Selection of stably folded proteins by phage-display with proteolysis. *Eur.J.Biochem.* 271: 1609-1614.
- Davies, J. y Riechmann, L. (2-21-1994). 'Camelising' human antibody fragments: NMR studies on VH domains. *FEBS Lett* 339: 285-290.
- Davies, J. y Riechmann, L. (1995). Antibody VH domains as small recognition units. *Biotechnology N.Y.* 13: 475-479.
- de Haard, H. J., van Neer, N., Reurs, A., Hufton, S. E., Roovers, R. C., Henderikx, P., de Bruine, A. P., Arends, J. W. y Hoogenboom, H. R. (6-25-1999). A large non-immunized human Fab fragment phage library that permits rapid isolation and kinetic analysis of high affinity antibodies. *J.Biol.Chem.* 274: 18218-18230.
- Deng, S. J., MacKenzie, C. R., Hiram, T., Brousseau, R., Lowary, T. L., Young, N. M., Bundle, D. R. y Narang, S. A. (5-23-1995). Basis for selection of improved carbohydrate-binding single-chain antibodies from synthetic gene libraries. *Proc.Natl.Acad.Sci U.S.A* 92: 4992-4996.
- Forrer, P., Jung, S. y Pluckthun, A. (1999). Beyond binding: using phage display to select for structure, folding and enzymatic activity in proteins. *Curr.Opin.Struct.Biol.* 9: 514-520.
- Fournier, B. y Klier, A. (2004). Protein A gene expression is regulated by DNA supercoiling which is modified by the ArlS-ArlR two-component system of *Staphylococcus aureus*. *Microbiology* 150: 3807-3819.
- Hamers, C. C., Atarhouch, T., Muyldermans, S., Robinson, G., Hamers, C., Songa, E. B., Bendahman, N. y Hamers, R. (6-3-1993). Naturally occurring antibodies devoid of light chains. *Nature* 363: 446-448.
- Jaspers, L., Schon, O., Famm, K. y Winter, G. (2004a). Aggregation-resistant domain antibodies selected on phage by heat denaturation. *Nat.Biotechnol.* 22: 1161-1165.
- Jaspers, L., Schon, O., James, L. C., Veprintsev, D. y Winter, G. (4-2-2004b). Crystal Structure of HEL4, a Soluble, Refoldable Human V(H) Single Domain with a Germ-line Scaffold. *J.Mol.Biol.* 337: 893-903.
- Jung, S., Honegger, A. y Pluckthun, A. (11-19-1999). Selection for improved protein stability by phage display. *J.Mol.Biol.* 294: 163-180.
- Matsuura, T. y Pluckthun, A. (3-27-2003). Selection based on the folding properties of proteins with ribosome display. *FEBS Lett.* 539: 24-28.
- Muruganandam, A., Tanha, J., Narang, S. y Stanimirovic, D. (2002). Selection of phage-displayed llama single-domain antibodies that transmigrate across human blood-brain barrier endothelium. *FASEB J.* 16: 240-242.

Pace, C. N., Vajdos, F., Fee, L., Grimsley, G. y Gray, T. (1995). How to measure and predict the molar absorption coefficient of a protein. *Protein Sci.* 4: 2411-2423.

Ricci, S., Medagliani, D., Marcotte, H., Olsen, A., Pozzi, G. y Bjorck, L. (2001). Immunoglobulin-binding domains of peptostreptococcal protein L enhance vaginal colonization of mice by *Streptococcus gordonii*. *Microb.Pathog.* 30: 229-235.

Sambrook, J. F. E. F. a. M. T. (1989). "Molecular Cloning: A laboratory Manual (2nd ed.)", Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY..

Sblattero, D. y Bradbury, A. (1998). A definitive set of oligonucleotide primers for amplifying human V regions. *Immunotechnology.* 3: 271-278.

Tanha, J., Dubuc, G., Hirama, T., Narang, S. A. y MacKenzie, C. R. (5-1-2002). Selection by phage display of llama conventional V(H) fragments with heavy chain antibody V(H)H properties. *J.Immunol.Methods* 263: 97-109.

Tanha, J., Muruganandam, A. y Stanimirovic, D. (2003). Phage Display Technology for Identifying Specific Antigens on Brain Endothelial Cells. *Methods Mol.Med.* 89: 435-450.

Tanha, J., Xu, P., Chen, Z. G., Ni, F., Kaplan, H., Narang, S. A. y MacKenzie, C. R. (7-6-2001). Optimal design features of camelized human single-domain antibody libraries. *J.Biol.Chem* 276: 24774-24780.

van der Linden, R. H., Frenken, L. G., de Geus, B., Harmsen, M. M., Ruuls, R. C., Stok, W., de Ron, L., Wilson, S., Davis, P. y Verrips, C. T. (4-12-1999). Comparison of physical chemical properties of llama VHH antibody fragments and mouse monoclonal antibodies. *Biochim.Biophys.Acta* 1431: 37-46.

Waldo, G. S. (2003). Genetic screens and directed evolution for protein solubility. *Curr.Opin.Chem.Biol.* 7: 33-38.

Ward, E. S., Gussow, D., Griffiths, A. D., Jones, P. T. y Winter, G. (10-12-1989). Binding activities of a repertoire of single immunoglobulin variable domains secreted from *Escherichia coli* [véanse comentarios]. *Nature* 341: 544-546.

Zhang, J., Li, Q., Nguyen, T. D., Tremblay, T. L., Stone, E., To, R., Kelly, J. y MacKenzie, C. R. (7-30-2004). A pentavalent single-domain antibody approach to tumor antigen discovery and the development of novel proteomics reagents. *J.Mol.Biol.* 341: 161-169.

**Tabla 1. Desviaciones de secuencia de V<sub>H</sub> respecto a las secuencias de la línea germinal parental**

V <sub>H</sub>	Líneas germinales V/J	Desviación de aminoácidos de las secuencias de línea germinal V y FR4
HVHP44	DP47/JH4b	L5V, Q105R
HVHB82	DP47/JH6c	E1Q, L5Q
HVHP421	DP47/JH4b	E1Q, V2L, L5Q, L11V, G16R
HVHP419	DP47/JH4b	E1Q, V2L, L5Q, T77S, R83G, K94R
HVHP430	DP47/JH3b	E1Q, L5V, V12I, Q13K, S31N, G52AS, L78V, A93V, K94R
HVHP429	DP47/JH4	L5V, G10T, S30I, S31N, G42D, E46D, A50T, G52aN, S53N, S56A K75N, A84P, E85D
HVHM41	DP47/JH3a	E1Q, L5V, E6Q, G16R, T28A, S53G, G55D, S56H, M108L
HVHM81	DP47/JH3a	L5V, E6Q, G16R, S30D, S31D, S35H, A50G, G55A, E85G, V89L, K94R
HVHP428	V3-49/JH4b	E1Q, V2L, V5Q, R16G, T23A, G30S, D31S, T60A, G73D, K83R, T84A, V89M, T93A
HVHP420	DP-38/JH4b	E1Q, S35T, S52aT
HVHP414	DP-38/JH3b	E1D, E6Q, A23T, T28P, K52T, A60V
HVHP423	V3-53/JH1	E1Q, V2M, E6Q, L11V, I12V, N32S, Y33R, V37F, K43M, K64R, T68S, V89L
HVHP44B	V3-53/JH1	E1Q, E6Q, N32S, Y33R, V37F, K43M, Y58S, K64R, T68S, V89L
HVHP413	YAC-5/JH3b	E1Q, E6Q, Q13K, V29F, S31D, N32Y, V50F
HVHP426	8-1B/JH3b	E1Q, E6Q, L11V, G16R, T28I, S30D, S31G, N32Y, Y33A, S35H, K43Q, I51T, Y52N, S53N, Y58S, L78V

Tabla 2. Características biofísicas de los V<sub>HS</sub> humanos

V <sub>H</sub> /V <sub>H</sub> H	Exp.# (mg)	K <sub>D</sub> (μM)	Resistencia a tripsina	RE (%)
HVHP44	8.2	1.3	√	93
HVHB82	5.9	0.2	√	71
HVHP421	5.5	1.0	√	14
HVHP419	3.4	1.6	√	84
HVHP430	6.4,23.7	2.3	√	88
HVHP429	3.4	1.3	√	86
HVHM41	1.8	0.5	X	92
HVHM81	4.3	1.3	√	87
HVHP428	3.1	1.8	√	95
HVHP420	59.0	1.2	√	92
HVHP414	11.8	1.6	√	73
HVHP423	2.4,62.1	3.0	√	86
HVHP413	5.8	0.3	√	52
HVHP426	6.3	0.8	√	70
H11F9*	ND	3.5	ND	95
H11B2*	ND	2.0	ND	100

5 # Rendimiento de expresión por litro de cultivo bacteriano

\* K<sub>D</sub>s y REs se determinaron contra H11 scFv.

Tabla 3. Características de los V<sub>LS</sub> humanos

VL	Subgrupo	Expresión <sup>a</sup>	KD	Estado de oligomerización <sup>b</sup>
		mg	μM	
HVLP324	Vkl	6,9	0,2, 0,01 <sup>c</sup>	Monómero
HVLP325	VkIII	6,2	1	Monómero/Agregado
HVLP335	VkIII	73,5	2	Monómero
HVLP342	Vkl	7,7	0,6, 0,04 <sup>c</sup>	Monómero
HVLP351	VkIII	8,9	2	Monómero
HVLP364	VkIII	77,1	3	Monómero
HVLP389	VλI	16,7	1	Monómero
HVLP3103	VkIII	19,0	1	Monómero

10 <sup>a</sup> Rendimiento de expresión por litro de cultivo bacteriano.

<sup>b</sup> El estado de oligomerización se determinó por cromatografía de filtración en gel.

<sup>c</sup> Los valores  $K_D$  más pequeños corresponden a la fijación de HVLP324 y HVLP342 a los sitios de afinidad alta en la proteína L.

5 **Tabla 4. Constantes cinéticas y de equilibrio para las fijaciones de HVHLP328PTV2 y HVLP335PTV2 a proteína A y L, respectivamente**

Pentacuerpo	HVHP328PTV2	HVLP335PTV2
$k_a$ ( $M^{-1}s^{-1}$ )	$4,3 \times 10^5$	$1,7 \times 10^6$
$k_d$ (s)	$<1 \times 10^{-3}$	$< 4 \times 10^{-4}$
$K_D$ (M)	$<2 \times 10^{-9}$	$<2 \times 10^{-10}$

LISTA DE SECUENCIAS

<110> NATIONAL RESEARCH COUNCIL OF CANADA

5 <120> MÉTODO PARA AISLAMIENTO DE POLIPÉPTIDOS SOLUBLES

<130> JWJ01397EP9

<140>

10 <141>

<150> 60/664,954

<151> 25-03-2005

15 <160> 55

<170> PatentIn Ver. 3.3

<210> 1

20 <211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

25

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Ile Val Ser Ser Asp  
 20 25 30  
 Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Val Ile Asn Ser Asp Gly Ser Thr Lys Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
 50 55 60  
 Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu  
 65 70 75 80  
 Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Gly Asp Leu Ala Tyr Cys Gly Gly His Cys Asp His Ser Pro Trp  
 100 105 110  
 Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 2

<211> 124

30 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

ES 2 558 338 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Ser Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ala Val Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Gly Thr Tyr Tyr Asp Ile Leu Thr Gly Pro Thr Asn Gly Met Asp  
 100 105 110  
 Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

5 <210> 3  
 <211> 113  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

10 <400> 3  
 Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Gly Thr Asp Met Glu Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr Val Ser  
 100 105 110

Ser  
 <210> 4  
 <211> 118  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 4

ES 2 558 338 T3

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Gly Arg Ile Lys Ser Lys Thr Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Ala  
 50 55 60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Arg Asn Thr  
 65 70 75 80  
 Ile Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Met Tyr  
 85 90 95  
 Tyr Cys Thr Thr Asp Leu Thr Gln Trp Ala Ala Trp Gly Gln Gly Thr  
 100 105 110  
 Met Val Thr Val Ser Ser  
 115

5 <210> 5  
 <211> 118  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 5  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Asn Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Tyr Ile Gly Ile Ser Tyr Asn Thr His Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
 50 55 60  
 Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp His Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Leu  
 65 70 75 80  
 Gln Met Asn Ser Leu Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Glu Ala Ser Gly Arg Asp Asp Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr  
 100 105 110  
 Met Val Thr Val Ser Ser  
 115

10 <210> 6  
 <211> 119  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15 <400> 6

ES 2 558 338 T3

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Arg Ile Lys Ser Asp Gly Ser Ser Thr Ser Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Ser Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Asp Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 7  
 <211> 116  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 7  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ile Ile His Gly Gly Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
 50 55 60  
 Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Leu  
 65 70 75 80  
 Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Glu Tyr Ser Gly Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val  
 100 105 110  
 Thr Val Ser Ser  
 115

10

<210> 8  
 <211> 124  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 8

ES 2 558 338 T3

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Lys Asp Glu Pro Arg Ser Val Ser Gly Leu Arg Gly Val Val Asp  
 100 105 110  
 Ser Trp Gly Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 9  
 <211> 112  
 5 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 9  
 Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 10 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Gly Thr Asp Met Glu Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 100 105 110

<210> 10  
 <211> 123  
 15 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 10

ES 2 558 338 T3

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Lys Asp Gly Lys Gly Gly Ser Ser Gly Tyr Asp His Pro Asp Tyr  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 11  
 <211> 122  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 11  
 Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Gly Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Ser Trp Ser Gly Ser Ser Tyr Gly Gly Asp Leu Asp Ser Trp  
 100 105 110  
 Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

10

<210> 12  
 <211> 125  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 12

ES 2 558 338 T3

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Ser Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Val Arg Glu Glu Tyr Arg Cys Ser Gly Thr Ser Cys Pro Gly Ala Phe  
 100 105 110  
 Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
 115 120 125

<210> 13  
 <211> 119  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 13  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Thr Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ile Asn Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Asp Lys Gly Leu Asp Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Thr Ile Ser Asn Asn Gly Gly Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Asn Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Lys Gly Pro Ile Asn Thr Gly Arg Tyr Gly Asp Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 14  
 <211> 123  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

10

15

<400> 14

ES 2 558 338 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ala Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Gly Gly Gly Asp His Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Lys Glu Gly Met Val Arg Gly Val Ser Ser Ala Pro Phe Asp Tyr  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 15  
 <211> 121  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 15  
 Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Gly Ile Ser Gly Ser Gly Ala Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Gly Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Gln Ser Ile Thr Gly Pro Thr Gly Ala Phe Asp Val Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

10

<210> 16  
 <211> 123  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 16  
 Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

ES 2 558 338 T3

Gly Phe Ile Arg Ser Lys Ala Tyr Gly Gly Thr Thr Glu Tyr Ala Ala  
 50 55 60  
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Ser Ile  
 65 70 75 80  
 Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Met Tyr  
 85 90 95  
 Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Lys Asp Gly Tyr Asn Ser Pro Glu Asp Tyr  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 17  
 <211> 119  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 17  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
 20 25 30  
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Gly Arg Ile Lys Thr Lys Thr Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Ala  
 50 55 60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65 70 75 80  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 85 90 95  
 Tyr Cys Thr Thr Asp Arg Asp His Ser Ser Gly Ser Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

10

<210> 18  
 <211> 119  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 18  
 Asp Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Pro Phe Ser Asn Ala  
 20 25 30  
 Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Gly Arg Ile Thr Ser Lys Thr Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Val Ala  
 50 55 60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65 70 75 80  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 85 90 95

ES 2 558 338 T3

Tyr Cys Thr Thr Asp Gln Ala Asn Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
 115

5 <210> 19  
 <211> 118  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 19  
 Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Ser  
 20 25 30

Arg Met Ser Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Met Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
 50 55 60

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

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

Arg Glu Arg Glu Gly Ala Val Thr Arg Glu Asp Trp Gly Gln Gly Thr  
 100 105 110

10 Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

15 <210> 20  
 <211> 118  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 20  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Ser  
 20 25 30

Arg Met Ser Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Met Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Ser Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
 50 55 60

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

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

Arg Glu Arg Glu Gly Ala Val Thr Arg Glu Asp Trp Gly Gln Gly Thr  
 100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

20 <210> 21  
 <211> 119  
 <212> PRT

ES 2 558 338 T3

<213> Homo sapiens

<400> 21

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asp Tyr  
 20 25 30  
 Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Phe Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
 50 55 60  
 Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu  
 65 70 75 80  
 Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Glu Ser Arg Val Gly Gly Gly Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
 115

5

<210> 22

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10

<400> 22

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ile Val Asp Gly Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Val Thr Asn Asn Gly Gly Ser Thr Ser Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
 50 55 60  
 Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu  
 65 70 75 80  
 Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Gln Ser Ile Thr Gly Pro Thr Gly Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln  
 100 105 110  
 Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

15

<210> 23

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr

20

ES 2 558 338 T3

20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Ser Arg Leu Leu Ile  
           35                                  40                                  45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
           50                                  55                                  60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
           65                                  70                                  75                                  80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Cys Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg  
                                   85                                  90                                  95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
                                   100                                  105

<210> 24  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 24  
 Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
   1                                  5                                  10                                  15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr  
                                   20                                  25                                  30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Ser Arg Leu Leu Ile  
           35                                  40                                  45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
           50                                  55                                  60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
           65                                  70                                  75                                  80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg  
                                   85                                  90                                  95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
                                   100                                  105

10

<210> 25  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 25  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
   1                                  5                                  10                                  15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
                                   20                                  25                                  30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
           35                                  40                                  45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
           50                                  55                                  60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
           65                                  70                                  75                                  80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Asn Trp Pro Pro  
                                   85                                  90                                  95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100

105

ES 2 558 338 T3

<210> 26  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 5 <213> Homo sapiens  
  
 <400> 26  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Gln Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Arg Ser Val Gly Thr Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Ser Ser Pro Lys  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105  
  
 10 <210> 27  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
  
 15 <400> 27  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Ser Ser Pro Lys  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105  
  
 <210> 28  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 20 <213> Homo sapiens  
  
 <400> 28  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Arg Ser Val Ser Tyr His  
 20 25 30

25

ES 2 558 338 T3

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Asn Trp Pro Pro  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

<210> 29  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 29  
 Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Gly Trp Pro Lys  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

10

<210> 30  
 <211> 106  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 30  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Thr Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln His Tyr Gly Thr Ser Lys Thr  
 85 90 95  
 Phe Gly Arg Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

20

<210> 31  
 <211> 107

ES 2 558 338 T3

<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 31

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Asn Trp Pro Thr  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

5

<210> 32  
<211> 106  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 32

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Thr Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Gly Arg Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Val  
 35 40 45  
 Phe Asp Thr Ser Asn Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Arg Gly Ser Gly Thr Leu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Gln Gln Arg Ser Ser Gly Leu Thr  
 85 90 95  
 Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

15

<210> 33  
<211> 106  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 33

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

20

ES 2 558 338 T3

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

5 <210> 34  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 34  
 Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Gly Thr Ser  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Ser Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Tyr Asn Trp Pro Arg  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

10 <210> 35  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15 <400> 35  
 Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Pro Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser His  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser His Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Tyr Trp Pro Leu  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

20 <210> 36  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

ES 2 558 338 T3

<400> 36  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Gly Ser  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Gly Thr Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Gly Asp Trp Pro Ser  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

5 <210> 37  
 <211> 106  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

10 <400> 37  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Thr Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Gly Arg Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Val  
 35 40 45  
 Phe Asp Thr Ser Asn Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Arg Gly Ser Gly Thr Leu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Gln Lys Arg Ser Ser Gly Leu Thr  
 85 90 95  
 Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

15 <210> 38  
 <211> 109  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 38  
 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser  
 20 25 30  
 Leu Val Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly

20



ES 2 558 338 T3

Glu Thr Thr Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser His Ser Val Ser Ser Asn  
 20 25 30  
 Val Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Glu Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gln Tyr Asp Lys Ser Pro Lys  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys  
 100 105

<210> 42  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 42  
 Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Thr Tyr  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Ser Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Ser Ser Pro Lys  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

<210> 43  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

10

15

<400> 43  
 Glu Thr Thr Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Lys Asn  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ser Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 His Ser Ile Ser Thr Arg Ala Thr Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60

ES 2 558 338 T3

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

5 <210> 44  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 44  
 Glu Thr Thr Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Arg Asn Asn  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Gly Ala Ser Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Val  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Thr Thr Pro Lys  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

10 <210> 45  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15 <400> 45  
 Glu Thr Thr Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Asn Ser Asn  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Ser Gly Ala Ser Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro His  
 85 90 95  
 Ser Ser Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

20 <210> 46  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 46

ES 2 558 338 T3

Glu Thr Thr Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Phe Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Asn  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Thr Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Ala  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Thr Ser Pro Arg  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 47  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 47  
 Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Thr Tyr  
 20 25 30  
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Arg Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Val Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Tyr Thr Thr Pro Arg  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

10

<210> 48  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 48  
 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Thr Tyr  
 20 25 30  
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Phe Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
 65 70 75 80

ES 2 558 338 T3

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Arg  
 85 90 95

Thr Phe Gly His Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 100 105

<210> 49  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

5

<400> 49  
 Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Thr Thr Pro Arg  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

10

<210> 50  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15

<400> 50  
 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Pro Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Arg  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Pro  
 100 105

20

<210> 51  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

25

<400> 51  
 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu Ser Ala Phe Val Gly

ES 2 558 338 T3

1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr<sub>20</sub> Ile Thr Cys Arg Ala<sub>25</sub> Ser Glu Ser Val Gly<sub>30</sub> Asn Ser  
 Leu Ser Trp<sub>35</sub> Tyr Gln Leu Lys Pro<sub>40</sub> Gly Lys Asn Pro Arg<sub>45</sub> Leu Leu Val  
 Ser Gly<sub>50</sub> Gly Ser Phe Leu Gln<sub>55</sub> Ser Gly Val Ser Ala<sub>60</sub> Arg Phe Ser Gly  
 Ser Gly<sub>65</sub> Ala Gly Thr<sub>70</sub> Leu Phe Thr Leu Thr Ile<sub>75</sub> Thr Gly Leu Arg Leu<sub>80</sub>  
 Asp Asp Ser Ala<sub>85</sub> Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln<sub>90</sub> Ser Asp Ala Val Pro Arg<sub>95</sub>  
 Thr Phe Gly His<sub>100</sub> Gly Thr Lys Val Ser<sub>105</sub> Val Leu

<210> 52  
 <211> 107  
 5 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 52  
 Asp Ile Gln Met Thr<sub>5</sub> Gln Ser Pro Ser Ser<sub>10</sub> Leu Ser Ala Ser Val<sub>15</sub> Gly  
 Asp Arg Val Thr<sub>20</sub> Ile Thr Cys Arg Ala<sub>25</sub> Ser Gln Asp Ile Arg<sub>30</sub> Thr Asp  
 Leu Asp Trp<sub>35</sub> Phe Gln Gln Arg Pro<sub>40</sub> Gly Arg Ala Pro His<sub>45</sub> Arg Leu Ile  
 Tyr Gly<sub>50</sub> Ala Ser Ser Leu Gln<sub>55</sub> Gly Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 Ser Gly<sub>65</sub> Ser Gly Thr<sub>70</sub> Glu Phe Thr Leu Thr Ile<sub>75</sub> Ser Gly Leu Gln Pro<sub>80</sub>  
 Glu Asp Phe Ala<sub>85</sub> Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln<sub>90</sub> His His Thr Tyr Pro Arg<sub>95</sub>  
 Thr Phe Gly Leu<sub>100</sub> Gly Thr Lys Val Thr<sub>105</sub> Val Leu

10 <210> 53  
 <211> 107  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

15 <400> 53  
 Asp Ile Gln Met Thr<sub>5</sub> Gln Ser Pro Ser Ser<sub>10</sub> Leu Ser Ala Ser Val<sub>15</sub> Gly  
 Asp Arg Val Thr<sub>20</sub> Ile Thr Cys Arg Ala<sub>25</sub> Ser Gln Asp Ile Arg<sub>30</sub> Asn Asp  
 Leu Gly Trp<sub>35</sub> Tyr Gln Gln Lys Pro<sub>40</sub> Gly Met Ala Pro Lys<sub>45</sub> Arg Leu Ile  
 Tyr Gly<sub>50</sub> Ala Ser Arg Leu Gln<sub>55</sub> Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 Ser Gly<sub>65</sub> Ser Gly Thr<sub>70</sub> Glu Phe Thr Leu Thr Ile<sub>75</sub> Ser Ser Leu Gln Pro<sub>80</sub>  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Arg

ES 2 558 338 T3

				85					90					95		
	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Val	Thr	Val	Leu					
				100					105							
	<210> 54															
	<211> 110															
5	<212> PRT															
	<213> Homo sapiens															
	<400> 54															
	Gln	Ser	Val	Val	Thr	Gln	Pro	Pro	Ser	Val	Ser	Ala	Ala	Pro	Gly	Gln
	1				5					10					15	
	Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Cys	Ser	Gly	Ser	Ser	Tyr	Asn	Ile	Gly	Glu	Asn
				20					25					30		
	Ser	Val	Ser	Trp	Tyr	Gln	Gln	Leu	Pro	Gly	Thr	Ala	Pro	Lys	Leu	Leu
			35					40					45			
	Ile	Tyr	Gly	Asn	Asp	Lys	Arg	Pro	Ser	Gly	Ile	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser
		50					55					60				
	Gly	Ser	Lys	Ser	Gly	Thr	Ser	Ala	Thr	Leu	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu	Gln
	65					70					75					80
	Thr	Gly	Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr	Tyr	Cys	Gly	Thr	Trp	Asp	Ser	Asn	Leu
					85					90					95	
	Arg	Ala	Ser	Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Val	Thr	Val	Leu		
				100					105					110		
10	<210> 55															
	<211> 6															
	<212> PRT															
	<213> Secuencia Artificial															
15	<220>															
	<223> Descripción de la secuencia artificial: marcador 6xHis sintético															
	<400> 55															
20	His	His	His	His	His	His										
	1					5										

**REIVINDICACIONES**

1. Un fragmento de anticuerpo que comprende la secuencia de SEQ ID n.º 16.
2. El fragmento de anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 1, en donde el fragmento de anticuerpo es un V<sub>H</sub>.
- 5 3. Una secuencia de ácido nucleico que codifica el fragmento de anticuerpo de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 2.
4. Un multímero que comprende el fragmento de anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 1 o 2.
5. Un dímero que comprende el fragmento de anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 1 o 2.
6. Un trímero que comprende el fragmento de anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 1 o 2.
- 10 7. Un pentámero que comprende el fragmento de anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 1 o 2.
8. Un vector recombinante que comprende la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la reivindicación 3.
9. Una célula hospedadora transformada con el vector recombinante de acuerdo con la reivindicación 8.
10. Una genoteca de exposición que comprende la secuencia de fragmento de anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, en donde una o más de una región determinante de la complementariedad está aleatorizada.
- 15 11. Un método para producir la genoteca de fragmentos de anticuerpo, que comprende:
  - a) dar a conocer una secuencia de nucleótidos que codifica el fragmento de anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 1 o 2;
  - b) dar a conocer secuencias oligonucleotídicas con codones aleatorizados;
  - 20 c) incorporar los oligonucleótidos aleatorios en la secuencia de nucleótidos que codifica una o más de una de las regiones determinantes de complementariedad (CDR) del fragmento de anticuerpo, de tal manera que una o más de una de las CDR está aleatorizada; y
  - d) expresar las secuencias de nucleótidos producidas en la etapa c).
12. Utilización de una genoteca de fragmentos de anticuerpo obtenida mediante el método de la reivindicación 11, para cribar las secuencias expresadas en función de su capacidad de fijación a un polipéptido deseado.
- 25 13. La utilización de la reivindicación 12, en donde el cribado comprende la expresión del fragmento de anticuerpo y rondas de cribado con a una molécula deseada.

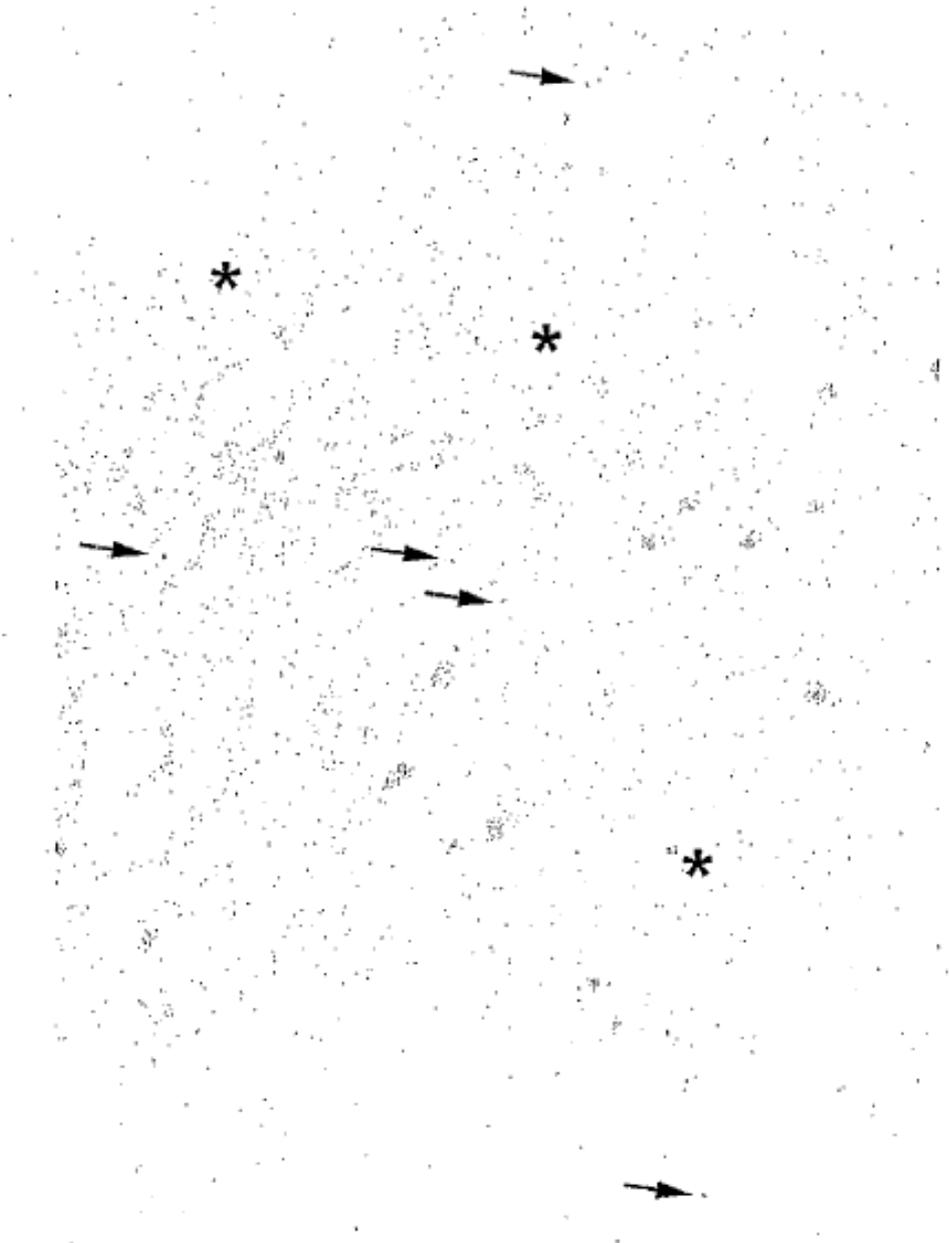


FIGURA 1

	FR1	CDR1	FR2	CDR2
HVHP44	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLS	CAASGFTFS	SYAMS	WVRQAPGKGLEWVS
HVHB92	Q..Q.....			AIISG--SGGSTYYADSVKG
HVHP421	QL..Q....V...R.....			
HVHP419	QL..Q.....			
HVHP430	Q.....IK.....	N.....		S--.....
HVHP429	.....T.....	I N.....	D..D..	T..N--N..A.....
HVHM41	Q...Q.....R.....A.....			---G.DH.....
HVHM81	Q...Q.....R.....D D..H.....			G...--..A.....
HVHP428	QL..Q.....		F.....	G F.RSKAY..T.E..A...
HVHP420	Q.....K.....	NAW.T		G R.KTKD..T.D..AP...
HVHP414	D...Q....K.....T...P..	NAW..		G R.TSKTD..T.D.VAP...
HVHP423	QM:..Q...V.....V..SR..	F.....M.....		V.Y---.....R..
HVHP44B	Q...Q....I.....V..SR..	F.....M.....		V.Y---.....S...R..
HVHP413	Q...Q....K.....D.Y..			F.Y---.....
HVHP426	Q...Q...V...R.....IVD	G...H	Q.....	VTN---N...S.....

	FR3	CDR3	FR4	Frecuencia	
HVHP44	RFTISRDNKNTLYLQMN	SLRAEDTAVYYCAK	DEPRSVSGLRGV-VDS	WGRGTLTVSS	1
HVHB92		GT	-----MEV	..K..T....	1
HVHP421		.GKGG	.YDH--P.Y	..Q.....	3
HVHP419	.....S.....G.....R	SWSG.SY.GD--L..		..Q.....	1
HVHP430	.....V.....	VR E.Y.CSGTSCPGAF.I		..Q..M....	2
HVHP429	.....N.....PD.....	GPINTGR-----YGD		..Q.....	24
HVHM41		EGMVRGVSSAP--F.Y		..Q.....	1
HVHM81	.....G...L...R	QSITGPT.A---F.V		..Q..M....	1
HVHP428	.....D..SIA.....M...R	RAKDGYNSP----E.Y		..Q.....	52
HVHP420	.....D.....KT.....TT	.RDH.-----SG.		..Q.....	5
HVHP414	.....D.....KT.....TT	.QANA-----F.I		..Q..M....	4
HVHP423	..S.....L...R	EREGA.T-----RED		..Q.....	4
HVHP44B	..S.....L...R	EREGA.T-----RED		..Q.....	4
HVHP413		R ESRVGGGA----F.I		..Q..M....	3
HVHP426	.....V.....	R QSITGPT.A---F.I		..Q..M....	8

Figura 2

Figura 3A

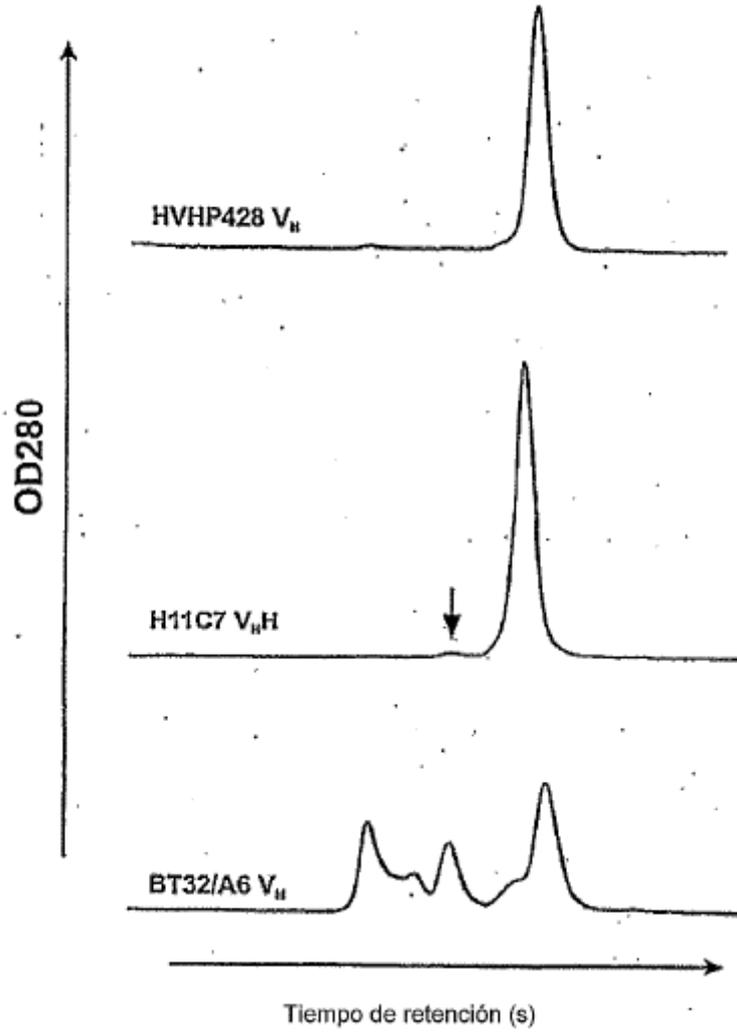
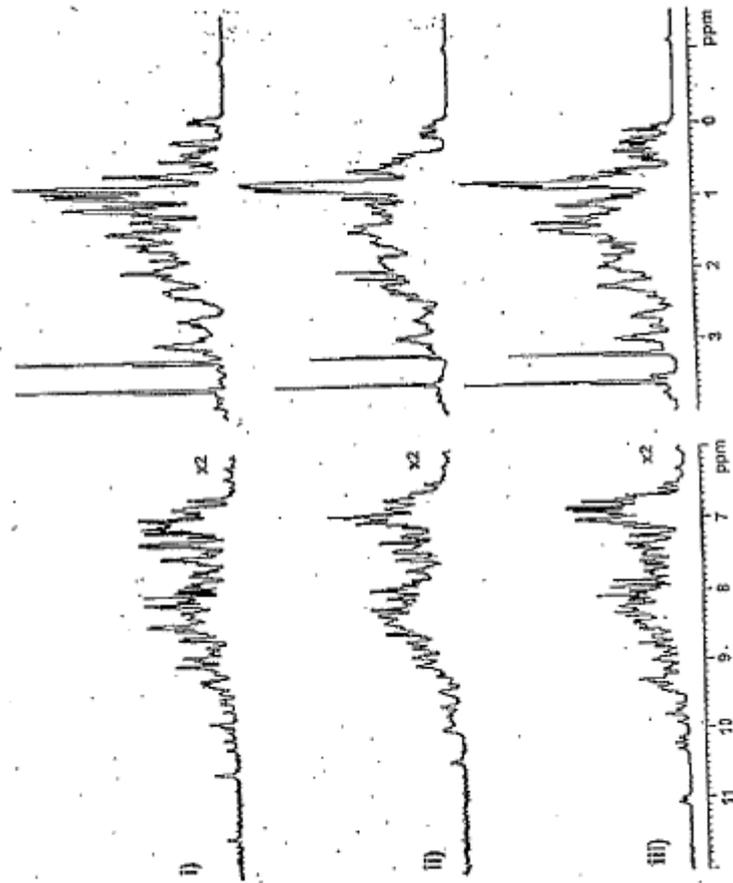


Figura 3B



**Figura 4A**



Figura 4B

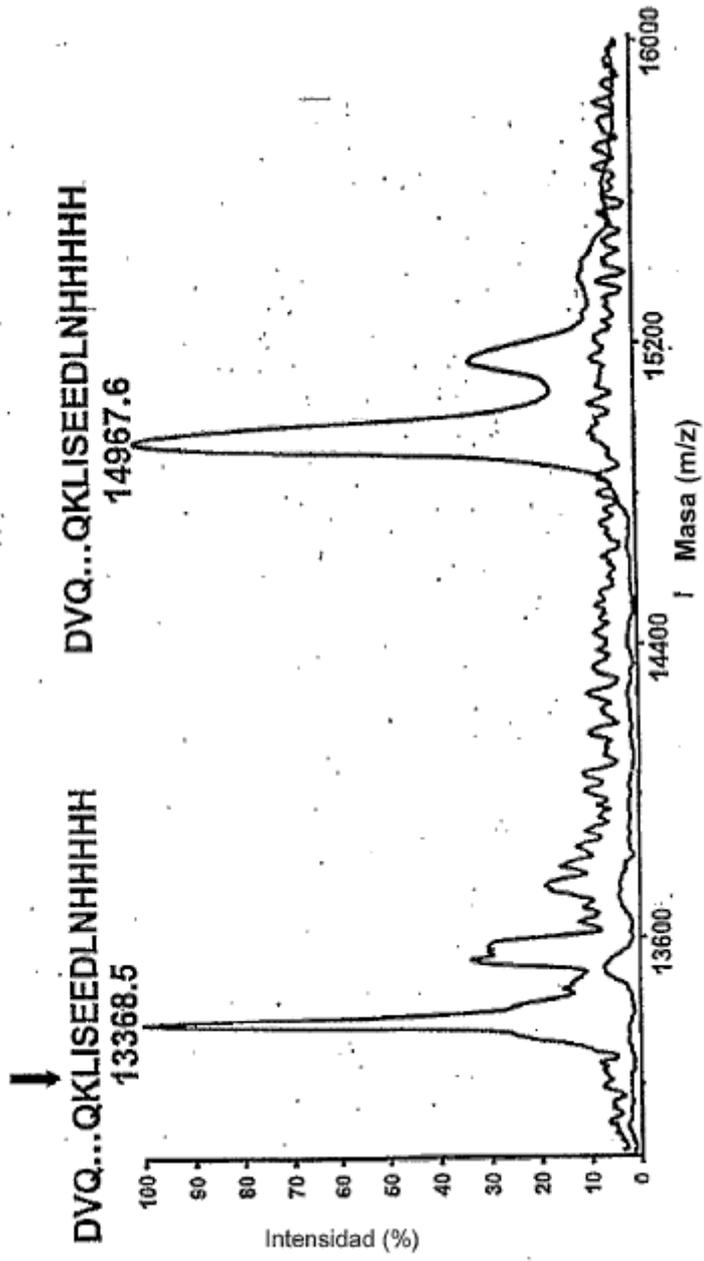


Figura 4C

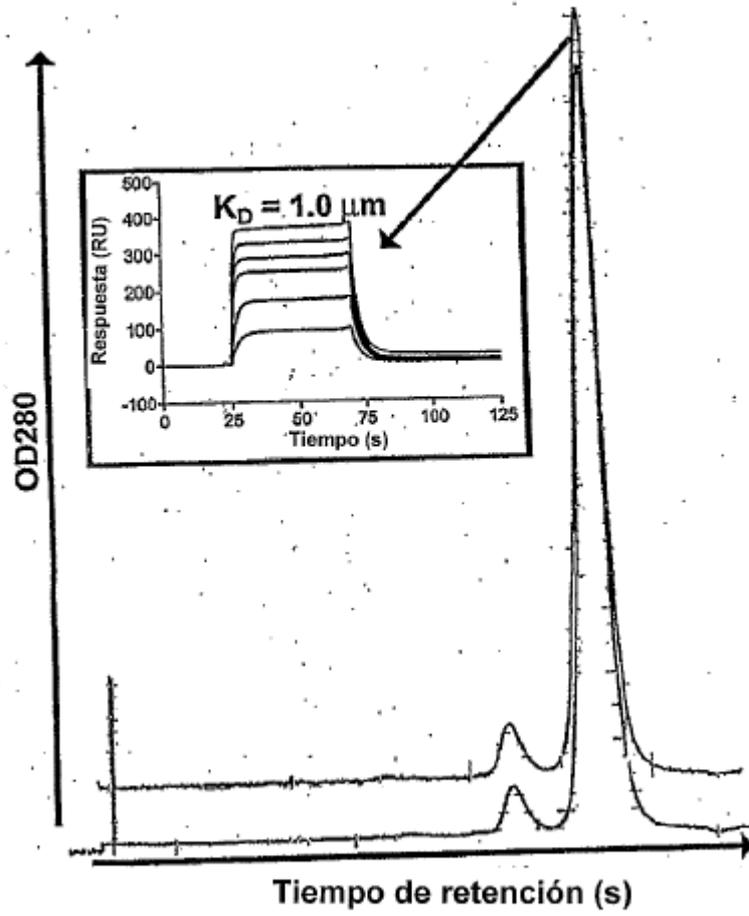
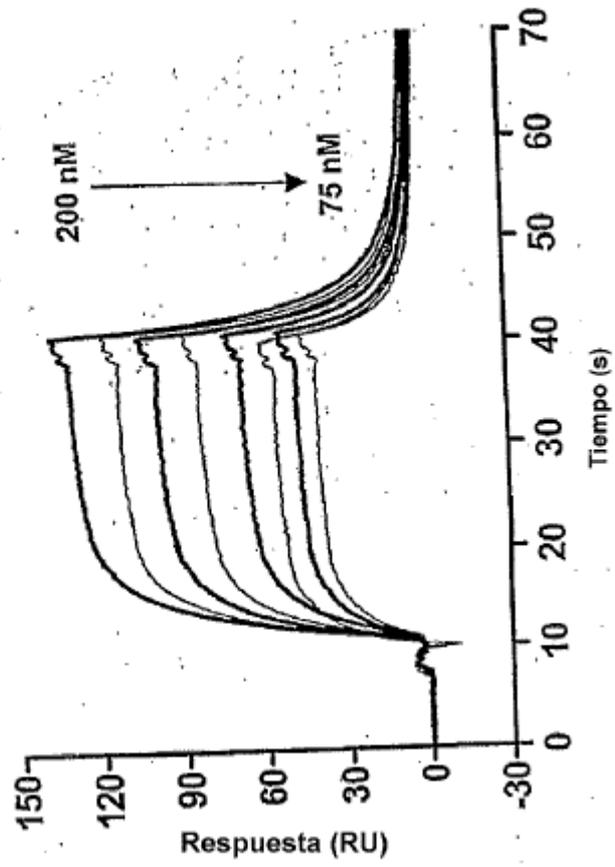


Figura 5



A. Subgrupo V <sub>κ</sub> II	FR1	CDR1	FR2	CDR2	FR3	CDR3	FR4			
	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
(i) L6	EIVMTQSPATLSLSPGERATLSC	RASQSVSS--YLA	WFOGKPGQASRLIY	basNRAT	GIPIAFSGSGSGTFTL	TLISKLEPEDFAVYCC	QYIGSSP--RT	FGGTRKVTVL		
HVLP333(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP366(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP368(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP371(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP381(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP384(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP3104(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP3110(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP356(Jκ4)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP325(Jκ4)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP349(Jκ4)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP351(Jκ4)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP388(Jκ4)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP3109(Jκ4)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP3109(Jκ4)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP393(Jκ2)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
(ii) AZ7	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP334(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP336(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP3106(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP382(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
(iii) L2	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP383(Jκ2)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP3103(Jκ2)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP323(Jκ1)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
(iv) L16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
HVLP364(Jκ2)	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Figura 6a

B. Subgrupo Vkl

**(i) O2012**

HVLP326(k4) D.QL...SS..A.V.D.V.IT. ....I.T--.N .....K.PK....A..SLES.V.S.....R.....V.S.Q.....T.F. .GYTT.--.....  
 HVLP324(k4) D.Q. ....SS..A.V.D.V.IT. ....I.T--.N .....K.PK....F.A..TLOS.V.S.....N.Q.....T.Y. .SY.T.--...H.....  
 HVLP397(k4) .....SS..A.V.D.V.IT. ....TI.--.N .F.....K.PK....A..SIQS.V.S.....S.Q.....T.Y. .SYTT.--...EIK  
 HVLP322(NF) D.Q. ....SS..A.V.D.V.IP. ....I.--.N .....K.PK....A..SIQS.V.S.....S.Q.....T.Y. .SY.T.--...P  
 HVLP330(NF) D.Q. ....PS..AFV.D.V.IT. ....E..GN--S.S .L...KMP...VS.GG.FLOS.VS.....A..L...TG.RLD.S.T.Y. .SDAV.--...H.....S..  
**(ii) A30**  
 HVLP342(k4) D.Q. ....SS..A.V.D.V.IT. ....DIRT--D.D .F..R..R..PHR...G..SIQG.V.S.....E.....G.Q.....T.Y. L.HFTY.--...L.....  
 HVLP359(k4) D.Q. ....SS..A.V.D.V.IT. ....DIRN--D.G .....M.PKR...G..RLOS.V.S.....E.....S.Q.....T.Y. .SY.T.--...  
 C. Subgrupo VAl

**(i) 1b**

HVLP389(A3b) QS.V..P.S-V.AA..Q.V.I.. SG.SYNGENSVS .....L..T.PK....GMDK.PS ....D.....K...SA..G.TG.QTG.E.D.Y. GTWD.NIRASV ..G.....

Figura 6b

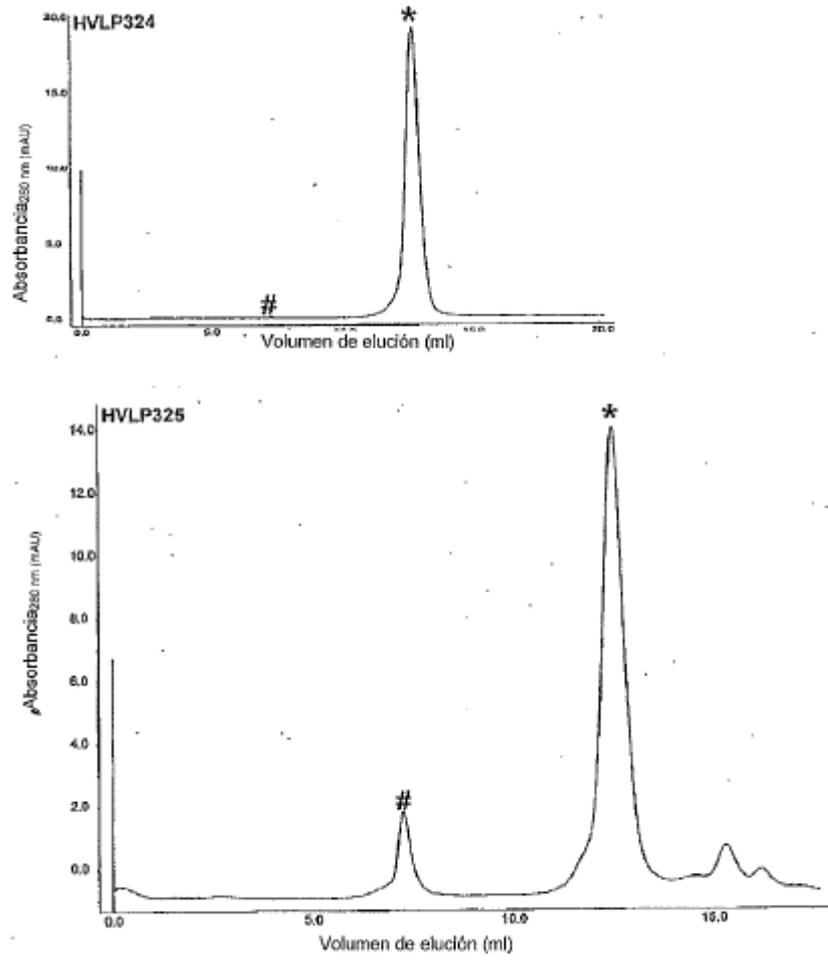


Figura 7A

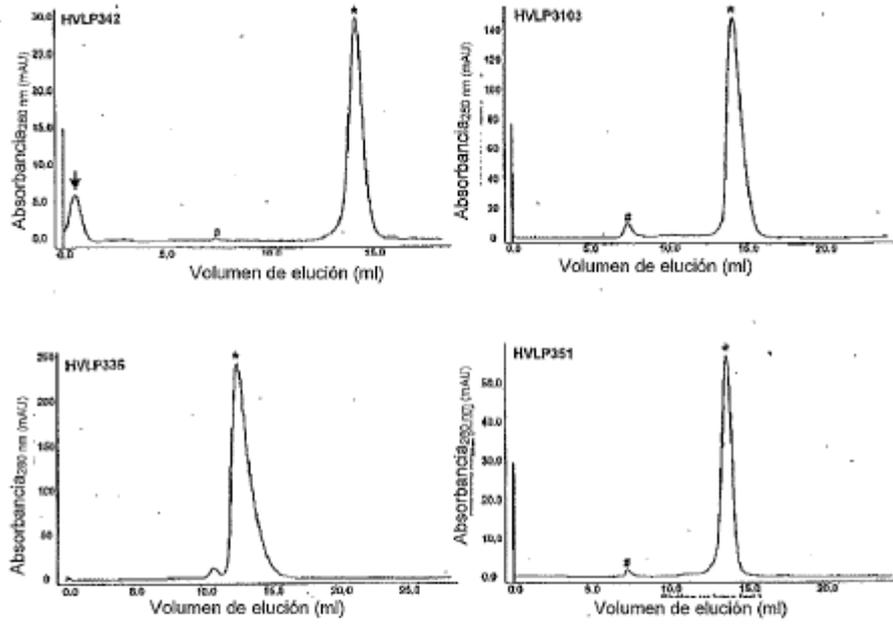


Figura 7B

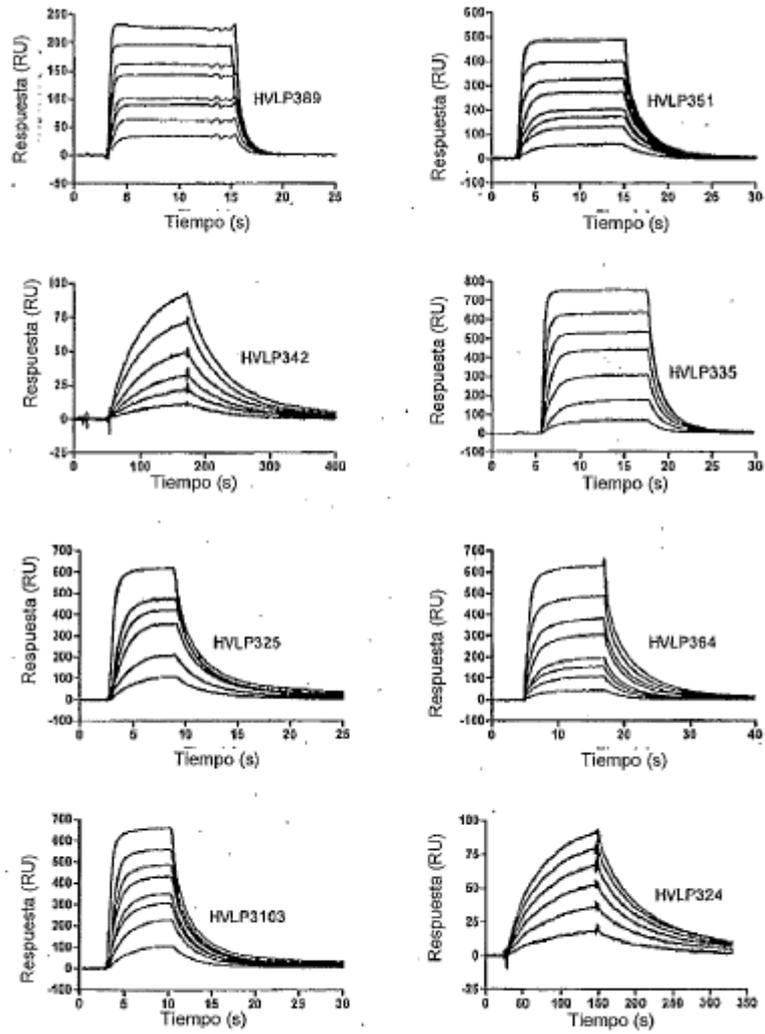
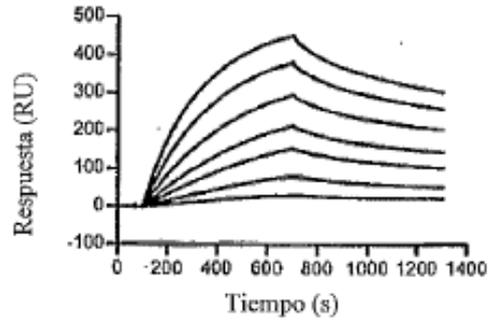


FIGURA 8

(A)



(B)

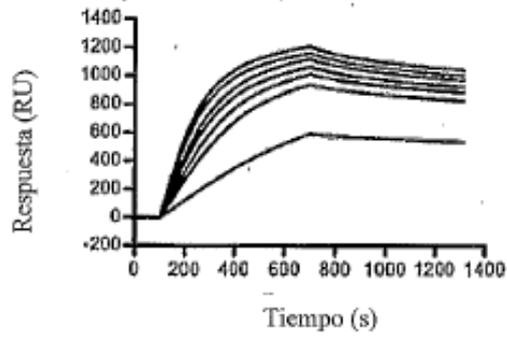
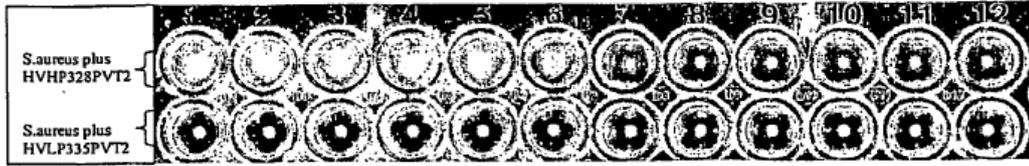


FIGURA 9



**FIGURA 10**