

(19)



**Евразийское  
патентное  
ведомство**

(21) **201591376** (13) **A1**

(12) **ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ**

(43) Дата публикации заявки  
**2015.12.30**

(22) Дата подачи заявки  
**2014.01.27**

(51) Int. Cl. **C07K 16/28** (2006.01)  
**C07K 16/30** (2006.01)  
**A61K 47/48** (2006.01)  
**A61K 39/395** (2006.01)  
**A61P 35/00** (2006.01)  
**C07K 16/46** (2006.01)

---

(54) **КОНСТРУКЦИИ АНТИТЕЛ К CDH19 И CD3**

---

(31) **61/756,991; 61/785,147**

(32) **2013.01.25; 2013.03.14**

(33) **US**

(86) **PCT/EP2014/051550**

(87) **WO 2014/114800 2014.07.31**

(71) Заявитель:  
**ЭМДЖЕН РИСЕРЧ (МЮНИК) ГМБХ  
(DE); ЭМДЖЕН ИНК. (US)**

(72) Изобретатель:  
**Сяо Шоухуа, Пань Чжэн,  
Викрамасингхе Динели, Джеффриз  
М. Шон (US), Кинг Чэввик Теренс,  
Чань Брайан Мингтунг (CA), Куфер  
Петер, Лутгербюзе Ральф, Раум  
Тобиас, Хоффманн Патрик, Рау  
Дорис, Кишель Роман (DE), Лемон  
Брайан, Веше Хольгер (US)**

(74) Представитель:  
**Медведев В.Н. (RU)**

(57) Настоящее изобретение относится к конструкции антитела, содержащей первый связывающий домен человека, способный связываться с CDH19 человека на поверхности клетки-мишени, и второй домен, способный связываться с CD3 человека на поверхности Т-клетки. Более того, изобретение относится к последовательности нуклеиновой кислоты, кодирующей конструкцию антитела, вектору, содержащему указанную последовательность нуклеиновой кислоты, и к клетке-хозяину, трансформированной или трансфицированной указанным вектором. Более того, изобретение относится к способу получения конструкции антитела, к медицинскому применению указанной конструкции антитела и к набору, содержащему указанную конструкцию антитела.

**201591376**  
**A1**

**201591376**  
**A1**

**КОНСТРУКЦИИ АНТИТЕЛ К CDH19 И CD3**Родственные заявки

Настоящая заявка является родственной временной заявке США под названием "Antibodies targeting CDH19 for melanoma", поданной 15 марта 2013 года, в то же день, в который была подана настоящая заявка. Эта родственная заявка включена в настоящее описание в качестве ссылки в полном объеме.

Область изобретения

Настоящее изобретение относится к конструкции антитела, содержащей первый связывающий домен человека, способный связываться с CDH19 человека на поверхности клетки-мишени, и второй домен, способный связываться с CD3 человека на поверхности Т-клетки. Более того, изобретение относится к последовательности нуклеиновой кислоты, кодирующей конструкцию антитела, к вектору, содержащему указанную последовательность нуклеиновой кислоты, и к клетке-хозяину, трансформированной или трансфицированной указанным вектором. Более того, изобретение относится к способу получения конструкции антитела по изобретению, к медицинскому применению указанной конструкции антитела и к набору, содержащему указанную конструкцию антитела.

Уровень техники, к которому относится изобретение

Меланома представляет собой рак кожи, вызываемый онкогенной трансформацией меланоцитов, являющихся продуцирующими пигмент клетками кожи. По данным на 2009 год, распространенность меланомы составляла более 870000 случаев только в США (US National Institutes of Health). Каждый год в США диагностируется свыше 75000 новых случаев меланомы и приблизительно 25% пациентов имеют развернутое заболевание к моменту постановки диагноза. Несмотря на тот факт, что случаи первичной меланомы могут быть вылечены с помощью хирургической операции, если они выявлены достаточно рано, меланома является ведущей причиной смертности от заболеваний кожи в США, ответственной приблизительно за 10000 смертей в год в США.

После распространения и начала метастазирования заболевания, прогноз является плохим с 5-летней относительной выживаемостью 15%.

Существует четыре основных типа меланомы. Три типа встречаются в верхних слоях кожи, и четвертый является инвазивным и проникает глубоко в кожу, и может распространяться в другие области организма.

Поверхностно распространяющаяся меланома является наиболее распространенным типом меланомы, который составляет приблизительно 70% от всех случаев. Она растет вдоль верхнего слоя кожи в течение достаточно длительного времени до тех пор, пока не проникает более глубоко. Сначала она выглядит как плоский или немного выступающий участок измененного цвета, который имеет неправильные границы и может иметь в некоторой степени асимметричную форму. Цвет варьирует и можно видеть области желтовато-коричневого, коричневого, черного, красного, синего или белого цвета. Этот тип меланомы может возникать из ранее доброкачественной родинки и наиболее часто встречается у молодых людей.

Злокачественное лентиго является сходным с поверхностно распространяющимся типом, поскольку оно также остается вблизи поверхности кожи довольно долго и обычно выглядит в качестве плоского или слабо выступающего пятнистого изменения цвета на желто-коричневый, коричневый или темно-коричневый цвет. Оно наиболее часто встречается у пожилых людей. Когда эта злокачественная опухоль становится инвазивной, ее называют меланомой типа злокачественного лентиго.

Акральная лентигинозная меланома также распространяется поверхностно перед более глубоким проникновением. Она значительно отличается от других, поскольку обычно она появляется в качестве изменения цвета на черный или коричневый под ногтями или на подошвах ступней или ладонях рук. Этот тип меланомы иногда встречается у темнокожих людей, и часто он может развиваться быстрее, чем поверхностно распространяющаяся меланома и злокачественное лентиго.

Узловая меланома обычно является инвазивной в момент,

когда ее впервые диагностируют. Злокачественная опухоль обнаруживается, когда она превращается в шишку. Обычно она является черной, но иногда синей, серой, белой, коричневой, желто-коричневой, красной или цвета кожи. Она является наиболее агрессивной из меланом и встречается в 10-15 процентах случаев.

Обычные способы лечения метастазирующей меланомы включают химиотерапию, направленные способы терапии для отдельных пациентов (например, лечение ингибитором BRAF для пациентов с мутациями BRAF) и иммунотерапию. Метастазирующая меланома представляет собой тип опухоли, для которого было показано, что иммунотерапия не только замедляет прогрессирование заболевания, но также приводит к излечению пациентов на поздней стадии. Интерлейкин-2 был одобрен для применения при метастазирующей меланоме в 1998 году, и в 2011 году антитело, нацеленное на CTLA4, являющееся представителем нового поколения иммунных ингибиторов точки контроля, получило одобрение FDA.

CDH19 представляет собой трансмембранный белок кадгерина типа II с неизвестной функцией. Ген человека был клонирован в 2000 году на основе его сходства последовательности с CDH7 (Kools, P. et al. Genomics. 2000). Экспрессируемые последовательности-метки (EST) для CDH19 были выделены из библиотек кДНК меланоцитов, что указывает на то, что экспрессия CDH19 может ограничиваться клетками, происходящими из нервного гребня (Kools, P. et al. Genomics. 2000). В подтверждение этой точки зрения было обнаружено, что CDH19 экспрессируется в основном в нервных ганглиях и в шванновских клетках в процессе эмбрионального развития крыс (Takahashi, M. and Osumi, O. Devl Dynamics. 2005).

Диагностические антитела для обнаружения CDH19 в вестерн-блоттинге, иммуногистохимии или проточной цитометрии известны в данной области и коммерчески доступны. Эти антитела включают поли- и моноклональные антитела, продуцированные в животных-хозяевах.

#### Сущность изобретения

Настоящее изобретение относится к выделенной полиспецифической конструкции антитела, содержащей первый

связывающий домен человека, способный связываться с CDH19 человека на поверхности клетки-мишени, и второй домен, способный связываться с CD3 человека на поверхности Т-клетки.

В одном варианте осуществления конструкции антитела по изобретению первый связывающий домен содержит область VH, содержащую CDR-H1, CDR-H2 и CDR-H3, и область VL, содержащую CDR-L1, CDR-L2 и CDR-L3, выбранные из группы, состоящей из:

(a) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 54, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 222,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 84, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 252,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 84, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 927,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 909, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 927,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 54, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 926,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 904, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ

ID NO: 926,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1126, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1127, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1128, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1129, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1130, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1131,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1165, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1166, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1167, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1168, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1169, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1170,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1334, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1335, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1336, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1337, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1338, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1339,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1347, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1348, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1349, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1350, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1351, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1352,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1360 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1361, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1362, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1363, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1364, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1365,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1425 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1426, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1427, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1428, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1429, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1430,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1438 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1439, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1440, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1441, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1442, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1443, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2167 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2168, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2169, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2170, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2171, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2172;

(b) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 124, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 125, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 126, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 292, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 293, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 294,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 132, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 300,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 136, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 137, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 138, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 304, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 305, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 306,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 142, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 143, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 144, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 310, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 311, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 312,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 148, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 149, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 150, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 316, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 317, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 318,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 166, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 167, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 168, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 334, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 335, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 336,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 124, CDR-H2, как







как представлено в SEQ ID NO: 305, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 934,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 132, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 930,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 916, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 931,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 916, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 932,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1009, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1010, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1011, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1012, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1013, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1014,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1022, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1023, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1024, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1025, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1026, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1027,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1035, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1036, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1037, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1038, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1039, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1040,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1074, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1075, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1076, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1077, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1078, и CDR-L3, как

представлено в SEQ ID NO: 1079,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1100, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1101, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1102, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1103, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1104, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1105,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1113, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1114, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1115, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1116, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1117, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1118,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1243, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1244, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1245, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1246, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1247, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1248,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1256, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1257, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1258, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1259, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1260, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1261,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1269, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1270, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1271, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1272, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1273, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1274,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1282, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1283, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1284, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1285, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1286, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1287,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1295, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1296, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1297, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1300,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1647, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1648, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1649, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1650, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1651, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1652,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1660, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1661, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1662, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1663, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1664, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1665,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1894, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1895, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1896, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1897, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1898, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1899,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1907, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1908, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1909, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1910, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1911, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1912,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1933, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1934, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1935, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1936, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1937, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1938,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1946, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1947, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1948, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1949, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1950, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1951,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1959, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1960, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1961, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1962, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1963, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1964,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1972, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 1973, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1974, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1975, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1976, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1977,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1985, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1986, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1987, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1988, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1989, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1990,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1998, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1999, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2000, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2001, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2002, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2003,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2011, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2012, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2013, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2014, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2015, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2016,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2024, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2025, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2026, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2027, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2028, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2029,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2037, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2038, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2039, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2040, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2041, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2042, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2050, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2051, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2052, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2053, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2054, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2055;

(с) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 94, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 95, CDR-H3, как представлено в SEQ ID



представлено в SEQ ID NO: 263, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 264,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 118, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 119, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 120, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 286, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 287, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 288,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 118, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 914, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 120, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 286, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 287, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 288,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 154, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 155, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 920, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 322, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 323, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 324,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 996, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 997, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 998, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 999, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1000, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1001,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1048, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1049, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1050, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1051, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1052, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1053,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1087, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1088, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1089, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1090, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1091, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1092,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1608, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1609, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1610, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1611, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1612, и CDR-L3, как

представлено в SEQ ID NO: 1613,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1621, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1622, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1623, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1624, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1625, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1626,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1634, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1635, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1636, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1637, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1638, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1639,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1673, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1674, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1675, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1676, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1677, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1678,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1686, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1687, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1688, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1689, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1690, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1691,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1699, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1700, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1701, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1702, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1703, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1704,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1712, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1713, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1714, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1715, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1716, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1717,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1725, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1726, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1727, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1728, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1729, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1730,



CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1738, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1739, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1740, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1741, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1742, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1743,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1751, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1752, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1753, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1754, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1755, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1756,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1764, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1765, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1766, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1767, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1768, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1769, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1920, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1921, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1922, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1923, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1924, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1925;

(d) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 4, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 5, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 6, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 172, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 173, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 174,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 10, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 11, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 12, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 178, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 179, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 180,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 29, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 196, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 198,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 34, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 35, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 36, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 202, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 203, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 204,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 46, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 47, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 48, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 214, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 215, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 216,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 58, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 59, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 60, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 226, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 227, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 228,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 64, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 65, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 66, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 232, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 233, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 234,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 70, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 71, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 72, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 238, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 239, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 240,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 160, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 161, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 162, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 328, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 329, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 330,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 46, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 47, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 48, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 924, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 215, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 216,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 46, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 47, CDR-H3, как представлено в SEQ ID





ID NO: 330,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 970, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 971, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 972, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 973, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 974, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 975,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1061, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1062, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1063, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1064, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1065, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1066,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1139, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1140, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1141, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1142, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1143, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1144,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1152, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1153, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1154, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1155, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1156, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1157,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1178, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1179, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1180, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1181, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1182, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1183,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1191, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1192, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1193, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1194, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1195, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1196,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1204, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1205, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1206, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1207, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1208, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1209,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1217, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1218, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1219, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1222,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1230, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1231, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1232, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1233, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1234, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1235,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1308, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1309, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1310, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1311, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1312, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1313,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1321, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1322, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1323, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1324, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1325, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1326,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1373, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1374, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1375, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1376, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1377, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1378,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1386, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1387, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1388, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1389, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1390, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1391,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1399, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1400, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1401, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1402, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1403, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1404,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1412, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 1413, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1414, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1415, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1416, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1417,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1777, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1778, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1779, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1780, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1781, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1782,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1790, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1791, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1792, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1793, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1794, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1795,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1803, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1804, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1805, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1806, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1807, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1808,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1816, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1817, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1818, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1819, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1820, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1821,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1829, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1830, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1831, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1832, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1833, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1834,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1842, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1843, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1844, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1845, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1846, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1847,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1855, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1856, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 1857, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1858, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1859, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1860,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1868, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1869, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1870, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1871, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1872, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1873,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1881, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1882, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1883, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1884, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1885, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1886,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2063, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2064, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2065, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2066, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2067, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2068,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2076, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2077, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2078, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2079, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2080, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2081,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2089, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2090, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2091, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2092, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2093, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2094,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2102, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2103, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2104, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2105, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2106, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2107,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2115, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2116, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2117, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2118, CDR-



L2, как представлено в SEQ ID NO: 2119, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2120,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2128, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2129, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2130, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2131, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2132, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2133,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2141, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2142, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2143, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2144, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2145, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2146,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2154, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2155, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2156, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2157, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2158, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2159,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2180, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2181, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2182, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2183, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2184, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2185,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2193, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2194, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2195, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2196, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2198, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2206, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2207, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2208, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2209, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2210, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2211; и

(e) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 76, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 77, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 78, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 244, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 245, и CDR-L3, как представлено в SEQ

ID NO: 246,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 88, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 89, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 90, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 256, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 257, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 258,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 106, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 107, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 108, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 274, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 275, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 276,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 112, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 113, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 114, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 280, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 281, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 282,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 106, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 107, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 108, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 274, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 275, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 276,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 983, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 984, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 985, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 986, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 987, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 988,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1582, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1583, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1584, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1585, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1586, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1587, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1595, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1596, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1597, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1598, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1599, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1600.

В следующем варианте осуществления конструкции антитела по изобретению первый связывающий домен содержит область VH, выбранную из группы, состоящей из областей VH

(a) как представлено в SEQ ID NO: 362, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 485, SEQ ID NO: 486, SEQ ID NO: 487, SEQ ID NO: 492, SEQ ID NO: 493, SEQ ID NO: 494, SEQ ID NO: 495, SEQ ID NO: 1133, SEQ ID NO: 1172, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1354, SEQ ID NO: 1367, SEQ ID NO: 1432, SEQ ID NO: 1445 и SEQ ID NO: 2174;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 366, SEQ ID NO: 370, SEQ ID NO: 344, SEQ ID NO: 372, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 496, SEQ ID NO: 497, SEQ ID NO: 498, SEQ ID NO: 499, SEQ ID NO: 500, SEQ ID NO: 508, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 511, SEQ ID NO: 512, SEQ ID NO: 519, SEQ ID NO: 520, SEQ ID NO: 521, SEQ ID NO: 522, SEQ ID NO: 523, SEQ ID NO: 524, SEQ ID NO: 525, SEQ ID NO: 526, SEQ ID NO: 527, SEQ ID NO: 528, SEQ ID NO: 529, SEQ ID NO: 530, SEQ ID NO: 531, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 534, SEQ ID NO: 535, SEQ ID NO: 536, SEQ ID NO: 537, SEQ ID NO: 538, SEQ ID NO: 1016, SEQ ID NO: 1029, SEQ ID NO: 1042, SEQ ID NO: 1081, SEQ ID NO: 1107, SEQ ID NO: 1120, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1263, SEQ ID NO: 1276, SEQ ID NO: 1289, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1654, SEQ ID NO: 1667, SEQ ID NO: 1901, SEQ ID NO: 1914, SEQ ID NO: 1940, SEQ ID NO: 1953, SEQ ID NO: 1966, SEQ ID NO: 1979, SEQ ID NO: 1992, SEQ ID NO: 2005, SEQ ID NO: 2018, SEQ ID NO: 2031, SEQ ID NO: 2044 и SEQ ID NO: 2057;

(c) как представлено в SEQ ID NO: 338, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 378, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 476, SEQ ID NO: 477, SEQ ID NO: 478, SEQ ID NO: 479, SEQ ID NO: 480, SEQ ID NO: 481, SEQ ID NO: 482, SEQ ID NO: 483, SEQ ID NO: 484, SEQ ID NO: 501, SEQ ID NO: 502, SEQ ID NO: 503, SEQ ID NO: 504, SEQ ID NO: 505, SEQ ID NO: 506, SEQ ID NO: 517, SEQ ID NO: 518, SEQ ID NO: 1003, SEQ ID NO: 1055, SEQ ID NO: 1094, SEQ ID NO: 1615, SEQ ID NO: 1628, SEQ ID NO: 1641, SEQ ID NO: 1680, SEQ ID NO: 1693, SEQ ID NO: 1706, SEQ ID NO: 1719, SEQ ID NO: 1732, SEQ ID NO: 1745, SEQ ID NO: 1758, SEQ ID NO: 1771 и SEQ ID NO: 1927;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 360, SEQ

ID NO: 388, SEQ ID NO: 386, SEQ ID NO: 340, SEQ ID NO: 346, SEQ ID NO: 374, SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 390, SEQ ID NO: 463, SEQ ID NO: 464, SEQ ID NO: 465, SEQ ID NO: 466, SEQ ID NO: 467, SEQ ID NO: 468, SEQ ID NO: 469, SEQ ID NO: 470, SEQ ID NO: 471, SEQ ID NO: 472, SEQ ID NO: 473, SEQ ID NO: 474, SEQ ID NO: 475, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 490, SEQ ID NO: 491, SEQ ID NO: 513, SEQ ID NO: 514, SEQ ID NO: 515, SEQ ID NO: 516, SEQ ID NO: 540, SEQ ID NO: 541, SEQ ID NO: 542, SEQ ID NO: 543, SEQ ID NO: 977, SEQ ID NO: 1068, SEQ ID NO: 1146, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1198, SEQ ID NO: 1211, SEQ ID NO: 1224, SEQ ID NO: 1237, SEQ ID NO: 1315, SEQ ID NO: 1328, SEQ ID NO: 1380, SEQ ID NO: 1393, SEQ ID NO: 1406, SEQ ID NO: 1419, SEQ ID NO: 1469, SEQ ID NO: 1478, SEQ ID NO: 1485, SEQ ID NO: 1494, SEQ ID NO: 1501, SEQ ID NO: 1508, SEQ ID NO: 1519, SEQ ID NO: 1526, SEQ ID NO: 1533, SEQ ID NO: 1542, SEQ ID NO: 1549, SEQ ID NO: 1558, SEQ ID NO: 1565, SEQ ID NO: 1784, SEQ ID NO: 1797, SEQ ID NO: 1810, SEQ ID NO: 1823, SEQ ID NO: 1836, SEQ ID NO: 1849, SEQ ID NO: 1862, SEQ ID NO: 1875, SEQ ID NO: 1888, SEQ ID NO: 2070, SEQ ID NO: 2083, SEQ ID NO: 2096, SEQ ID NO: 2109, SEQ ID NO: 2122, SEQ ID NO: 2135, SEQ ID NO: 2148, SEQ ID NO: 2161, SEQ ID NO: 2187, SEQ ID NO: 2200 и SEQ ID NO: 2213; и

(e) как представлено в SEQ ID NO: 376, SEQ ID NO: 392, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 507, SEQ ID NO: 990, SEQ ID NO: 1589 и SEQ ID NO: 1602.

В другом варианте осуществления конструкции антитела по изобретению первый связывающий домен содержит область VL, выбранную из группы, состоящей из областей VL

(a) как представлено в SEQ ID NO: 418, SEQ ID NO: 420, SEQ ID NO: 580, SEQ ID NO: 581, SEQ ID NO: 582, SEQ ID NO: 587, SEQ ID NO: 588, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 590, SEQ ID NO: 1135, SEQ ID NO: 1174, SEQ ID NO: 1343, SEQ ID NO: 1356, SEQ ID NO: 1369, SEQ ID NO: 1434, SEQ ID NO: 1447 и SEQ ID NO: 2176;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 398, SEQ ID NO: 422, SEQ ID NO: 426, SEQ ID NO: 400, SEQ ID NO: 428, SEQ ID NO: 424, SEQ ID NO: 591, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 594, SEQ ID NO: 595, SEQ ID NO: 603, SEQ ID NO: 604, SEQ ID NO: 605, SEQ

ID NO: 606, SEQ ID NO: 607, SEQ ID NO: 614, SEQ ID NO: 615, SEQ ID NO: 616, SEQ ID NO: 617, SEQ ID NO: 618, SEQ ID NO: 619, SEQ ID NO: 620, SEQ ID NO: 621, SEQ ID NO: 622, SEQ ID NO: 623, SEQ ID NO: 624, SEQ ID NO: 625, SEQ ID NO: 626, SEQ ID NO: 627, SEQ ID NO: 628, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 631, SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 633, SEQ ID NO: 1018, SEQ ID NO: 1031, SEQ ID NO: 1044, SEQ ID NO: 1083, SEQ ID NO: 1109, SEQ ID NO: 1122, SEQ ID NO: 1252, SEQ ID NO: 1265, SEQ ID NO: 1278, SEQ ID NO: 1291, SEQ ID NO: 1304, SEQ ID NO: 1656, SEQ ID NO: 1669, SEQ ID NO: 1903, SEQ ID NO: 1916, SEQ ID NO: 1942, SEQ ID NO: 1955, SEQ ID NO: 1968, SEQ ID NO: 1981, SEQ ID NO: 1994, SEQ ID NO: 2007, SEQ ID NO: 2020, SEQ ID NO: 2033, SEQ ID NO: 2046 и SEQ ID NO: 2059;

(с) как представлено в SEQ ID NO: 394, SEQ ID NO: 410, SEQ ID NO: 434, SEQ ID NO: 412, SEQ ID NO: 571, SEQ ID NO: 572, SEQ ID NO: 573, SEQ ID NO: 574, SEQ ID NO: 575, SEQ ID NO: 576, SEQ ID NO: 577, SEQ ID NO: 578, SEQ ID NO: 579, SEQ ID NO: 596, SEQ ID NO: 597, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 599, SEQ ID NO: 600, SEQ ID NO: 601, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 1005, SEQ ID NO: 1057, SEQ ID NO: 1096, SEQ ID NO: 1617, SEQ ID NO: 1630, SEQ ID NO: 1643, SEQ ID NO: 1682, SEQ ID NO: 1695, SEQ ID NO: 1708, SEQ ID NO: 1721, SEQ ID NO: 1734, SEQ ID NO: 1747, SEQ ID NO: 1760, SEQ ID NO: 1773 и SEQ ID NO: 1929;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 408, SEQ ID NO: 416, SEQ ID NO: 444, SEQ ID NO: 442, SEQ ID NO: 396, SEQ ID NO: 402, SEQ ID NO: 430, SEQ ID NO: 404, SEQ ID NO: 446, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 559, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 561, SEQ ID NO: 562, SEQ ID NO: 563, SEQ ID NO: 564, SEQ ID NO: 565, SEQ ID NO: 566, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 568, SEQ ID NO: 569, SEQ ID NO: 570, SEQ ID NO: 583, SEQ ID NO: 584, SEQ ID NO: 585, SEQ ID NO: 586, SEQ ID NO: 608, SEQ ID NO: 609, SEQ ID NO: 610, SEQ ID NO: 611, SEQ ID NO: 635, SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 637, SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 979, SEQ ID NO: 1070, SEQ ID NO: 1148, SEQ ID NO: 1161, SEQ ID NO: 1187, SEQ ID NO: 1200, SEQ ID NO: 1213, SEQ ID NO: 1226, SEQ ID NO: 1239, SEQ ID NO: 1317, SEQ ID NO: 1330, SEQ ID NO: 1382, SEQ ID NO: 1395, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1421,

SEQ ID NO: 1471, SEQ ID NO: 1480, SEQ ID NO: 1487, SEQ ID NO: 1496, SEQ ID NO: 1503, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1521, SEQ ID NO: 1528, SEQ ID NO: 1535, SEQ ID NO: 1544, SEQ ID NO: 1551, SEQ ID NO: 1560, SEQ ID NO: 1567, SEQ ID NO: 1786, SEQ ID NO: 1799, SEQ ID NO: 1812, SEQ ID NO: 1825, SEQ ID NO: 1838, SEQ ID NO: 1851, SEQ ID NO: 1864, SEQ ID NO: 1877, SEQ ID NO: 1890, SEQ ID NO: 2072, SEQ ID NO: 2085, SEQ ID NO: 2098, SEQ ID NO: 2111, SEQ ID NO: 2124, SEQ ID NO: 2137, SEQ ID NO: 2150, SEQ ID NO: 2163, SEQ ID NO: 2189, SEQ ID NO: 2202 и SEQ ID NO: 2215; и

(е) как представлено в SEQ ID NO: 432, SEQ ID NO: 448, SEQ ID NO: 414, SEQ ID NO: 406, SEQ ID NO: 602, SEQ ID NO: 992, SEQ ID NO: 1591 и SEQ ID NO: 1604.

Кроме того, изобретение относится к варианту осуществления конструкции антитела по изобретению, где первый связывающий домен содержит область VH и область VL, выбранную из группы, состоящей из:

(1) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 362+418, SEQ ID NO: 364+420, SEQ ID NO: 485+580, SEQ ID NO: 486+581, SEQ ID NO: 487+582, SEQ ID NO: 492+587, SEQ ID NO: 493+588, SEQ ID NO: 494+589, SEQ ID NO: 495+590, SEQ ID NO: 1133+1135, SEQ ID NO: 1172+1174, SEQ ID NO: 1341+1343, SEQ ID NO: 1354+1356, SEQ ID NO: 1367+1369, SEQ ID NO: 1432+1434, SEQ ID NO: 1445+1447 и SEQ ID NO: 2174+2176;

(2) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 342+398, SEQ ID NO: 366+422, SEQ ID NO: 370+426, SEQ ID NO: 344+400, SEQ ID NO: 372+428, SEQ ID NO: 368+424, SEQ ID NO: 496+591, SEQ ID NO: 497+592, SEQ ID NO: 498+593, SEQ ID NO: 499+594, SEQ ID NO: 500+595, SEQ ID NO: 508+603, SEQ ID NO: 509+604, SEQ ID NO: 510+605, SEQ ID NO: 511+606, SEQ ID NO: 512+607, SEQ ID NO: 519+614, SEQ ID NO: 520+615, SEQ ID NO: 521+616, SEQ ID NO: 522+617, SEQ ID NO: 523+618, SEQ ID NO: 524+619, SEQ ID NO: 525+620, SEQ ID NO: 526+621, SEQ ID NO: 527+622, SEQ ID NO: 528+623, SEQ ID NO: 529+624, SEQ ID NO: 530+625, SEQ ID NO: 531+626, SEQ ID NO: 532+627, SEQ ID NO: 533+628, SEQ ID NO: 534+629, SEQ ID NO: 535+630, SEQ ID NO: 536+631, SEQ ID NO: 537+632, SEQ ID NO: 538+633, SEQ ID NO:

1016+1018, SEQ ID NO: 1029+1031, SEQ ID NO: 1042+1044, SEQ ID NO: 1081+1083, SEQ ID NO: 1107+1109, SEQ ID NO: 1120+1122, SEQ ID NO: 1250+1252, SEQ ID NO: 1263+1265, SEQ ID NO: 1276+1278, SEQ ID NO: 1289+1291, SEQ ID NO: 1302+1304, SEQ ID NO: 1654+1656, SEQ ID NO: 1667+1669, SEQ ID NO: 1901+1903, SEQ ID NO: 1914+1916, SEQ ID NO: 1940+1942, SEQ ID NO: 1953+1955, SEQ ID NO: 1966+1968, SEQ ID NO: 1979+1981, SEQ ID NO: 1992+1994, SEQ ID NO: 2005+2007, SEQ ID NO: 2018+2020, SEQ ID NO: 2031+2033, SEQ ID NO: 2044+2046 и SEQ ID NO: 2057+2059;

(3) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 338+394, SEQ ID NO: 354+410, SEQ ID NO: 378+434, SEQ ID NO: 356+412, SEQ ID NO: 476+571, SEQ ID NO: 477+572, SEQ ID NO: 478+573, SEQ ID NO: 479+574, SEQ ID NO: 480+575, SEQ ID NO: 481+576, SEQ ID NO: 482+577, SEQ ID NO: 483+578, SEQ ID NO: 484+579, SEQ ID NO: 501+596, SEQ ID NO: 502+597, SEQ ID NO: 503+598, SEQ ID NO: 504+599, SEQ ID NO: 505+600, SEQ ID NO: 506+601, SEQ ID NO: 517+612, SEQ ID NO: 518+613, SEQ ID NO: 1003+1005, SEQ ID NO: 1055+1057, SEQ ID NO: 1094+1096, SEQ ID NO: 1615+1617, SEQ ID NO: 1628+1630, SEQ ID NO: 1641+1643, SEQ ID NO: 1680+1682, SEQ ID NO: 1693+1695, SEQ ID NO: 1706+1708, SEQ ID NO: 1719+1721, SEQ ID NO: 1732+1734, SEQ ID NO: 1745+1747, SEQ ID NO: 1758+1760, SEQ ID NO: 1771+1773 и SEQ ID NO: 1927+1929;

(4) пар области VH и области VL как представлено в SEQ ID NO: 352+408, SEQ ID NO: 360+416, SEQ ID NO: 388+444, SEQ ID NO: 386+442, SEQ ID NO: 340+396, SEQ ID NO: 346+402, SEQ ID NO: 374+430, SEQ ID NO: 348+404, SEQ ID NO: 390+446, SEQ ID NO: 463+558, SEQ ID NO: 464+559, SEQ ID NO: 465+560, SEQ ID NO: 466+561, SEQ ID NO: 467+562, SEQ ID NO: 468+563, SEQ ID NO: 469+564, SEQ ID NO: 470+565, SEQ ID NO: 471+566, SEQ ID NO: 472+567, SEQ ID NO: 473+568, SEQ ID NO: 474+569, SEQ ID NO: 475+570, SEQ ID NO: 488+583, SEQ ID NO: 489+584, SEQ ID NO: 490+585, SEQ ID NO: 491+586, SEQ ID NO: 513+608, SEQ ID NO: 514+609, SEQ ID NO: 515+610, SEQ ID NO: 516+611, SEQ ID NO: 540+635, SEQ ID NO: 541+636, SEQ ID NO: 542+637, SEQ ID NO: 543+638, SEQ ID NO: 977+979, SEQ ID NO: 1068+1070, SEQ ID NO:

1146+1148, SEQ ID NO: 1159+1161, SEQ ID NO: 1185+1187, SEQ ID NO: 1198+1200, SEQ ID NO: 1211+1213, SEQ ID NO: 1224+1226, SEQ ID NO: 1237+1239, SEQ ID NO: 1315+1317, SEQ ID NO: 1328+1330, SEQ ID NO: 1380,+1382 SEQ ID NO: 1393+1395, SEQ ID NO: 1406+1408, SEQ ID NO: 1419+1421, SEQ ID NO: 1469+1471, SEQ ID NO: 1478+1480, SEQ ID NO: 1485+1487, SEQ ID NO: 1494+1496, SEQ ID NO: 1501+1503, SEQ ID NO: 1508+1510, SEQ ID NO: 1519+1521, SEQ ID NO: 1526+1528, SEQ ID NO: 1533+1535, SEQ ID NO: 1542+1544, SEQ ID NO: 1549+1551, SEQ ID NO: 1558+1560, SEQ ID NO: 1565+1567, SEQ ID NO: 1784+1786, SEQ ID NO: 1797+1799, SEQ ID NO: 1810+1812, SEQ ID NO: 1823+1825, SEQ ID NO: 1836+1838, SEQ ID NO: 1849+1851, SEQ ID NO: 1862+1864, SEQ ID NO: 1875+1877, SEQ ID NO: 1888+1890, SEQ ID NO: 2070+2072, SEQ ID NO: 2083+2085, SEQ ID NO: 2096+2098, SEQ ID NO: 2109+2111, SEQ ID NO: 2122+2124, SEQ ID NO: 2135+2137, SEQ ID NO: 2148+2150, SEQ ID NO: 2161+2163, SEQ ID NO: 2187+2189, SEQ ID NO: 2200+2202 и SEQ ID NO: 2213+2215; и

(5) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 376+432, SEQ ID NO: 392+448, SEQ ID NO: 358+414, SEQ ID NO: 350+406, SEQ ID NO: 507+602, SEQ ID NO: 990+992, SEQ ID NO: 1589+1591 и SEQ ID NO: 1602+1604.

В следующем варианте осуществления изобретения конструкция антителя имеет формат, выбранный из группы, состоящей из  $(scFv)_2$ ,  $(однодоменное\ mAb)_2$ ,  $scFv$ -однодоменного  $mAb$ , диантитела и их олигомеров.

В предпочтительном варианте осуществления первый связывающий домен содержит аминокислотную последовательность, выбранную из группы, состоящей из

(a) как представлено в SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 1137, SEQ ID NO: 1176, SEQ ID NO: 1345, SEQ ID NO: 1358, SEQ ID NO: 1371, SEQ ID NO: 1436, SEQ ID NO: 1449 и SEQ ID NO: 2178;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 1020, SEQ ID NO: 1033, SEQ ID NO: 1046, SEQ ID NO: 1085, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1124, SEQ ID NO: 1254, SEQ ID NO: 1267, SEQ ID NO: 1280, SEQ ID NO: 1293, SEQ ID NO: 1306, SEQ ID NO: 1658, SEQ ID NO: 1671, SEQ ID NO: 1905, SEQ ID NO: 1918, SEQ ID NO: 1944, SEQ ID NO:



1957, SEQ ID NO: 1970, SEQ ID NO: 1983, SEQ ID NO: 1996, SEQ ID NO: 2009, SEQ ID NO: 2022, SEQ ID NO: 2035, SEQ ID NO: 2048 и SEQ ID NO: 2061;

(с) как представлено в SEQ ID NO: 1007, SEQ ID NO: 1059, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1619, SEQ ID NO: 1632, SEQ ID NO: 1645, SEQ ID NO: 1684, SEQ ID NO: 1697, SEQ ID NO: 1710, SEQ ID NO: 1723, SEQ ID NO: 1736, SEQ ID NO: 1749, SEQ ID NO: 1762, SEQ ID NO: 1775 и SEQ ID NO: 1931;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1072, SEQ ID NO: 1150, SEQ ID NO: 1163, SEQ ID NO: 1189, SEQ ID NO: 1202, SEQ ID NO: 1215, SEQ ID NO: 1228, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1319, SEQ ID NO: 1332, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1397, SEQ ID NO: 1410, SEQ ID NO: 1423, SEQ ID NO: 1473, SEQ ID NO: 1482, SEQ ID NO: 1489, SEQ ID NO: 1498, SEQ ID NO: 1505, SEQ ID NO: 1512, SEQ ID NO: 1523, SEQ ID NO: 1530, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1546, SEQ ID NO: 1553, SEQ ID NO: 1562, SEQ ID NO: 1569, SEQ ID NO: 1788, SEQ ID NO: 1801, SEQ ID NO: 1814, SEQ ID NO: 1827, SEQ ID NO: 1840, SEQ ID NO: 1853, SEQ ID NO: 1866, SEQ ID NO: 1879, SEQ ID NO: 1892, SEQ ID NO: 2074, SEQ ID NO: 2087, SEQ ID NO: 2100, SEQ ID NO: 2113, SEQ ID NO: 2126, SEQ ID NO: 2139, SEQ ID NO: 2152, SEQ ID NO: 2165, SEQ ID NO: 2191, SEQ ID NO: 2204 и SEQ ID NO: 2217; и

(е) как представлено в SEQ ID NO: 994, SEQ ID NO: 1593 и SEQ ID NO: 1606.

В другом варианте осуществления конструкции антитела по изобретению второй связывающий домен способен связываться с CD3-эпсилон человека и *Callithrix jacchus*, *Saguinus Oedipus* или *Saimiri sciureus*.

В предпочтительном варианте осуществления конструкция антитела по изобретению имеет аминокислотную последовательность, выбранную из группы, состоящей из

(a) как представлено в SEQ ID NO: 1138, SEQ ID NO: 1177, SEQ ID NO: 1346, SEQ ID NO: 1359, SEQ ID NO: 1372, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 14501450 и SEQ ID NO: 2179;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 1021, SEQ ID NO: 1034, SEQ ID NO: 1047, SEQ ID NO: 1086, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO:

1125, SEQ ID NO: 1255, SEQ ID NO: 1268, SEQ ID NO: 1281, SEQ ID NO: 1294, SEQ ID NO: 1307, SEQ ID NO: 1659, SEQ ID NO: 1672, SEQ ID NO: 1906, SEQ ID NO: 1919, SEQ ID NO: 1945, SEQ ID NO: 1958, SEQ ID NO: 1971, SEQ ID NO: 1984, SEQ ID NO: 1997, SEQ ID NO: 2010, SEQ ID NO: 2023, SEQ ID NO: 2036, SEQ ID NO: 2049 и SEQ ID NO: 2062;

(c) как представлено в SEQ ID NO: 1008, SEQ ID NO: 1060, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1620, SEQ ID NO: 1633, SEQ ID NO: 1646, SEQ ID NO: 1685, SEQ ID NO: 1698, SEQ ID NO: 1711, SEQ ID NO: 1724, SEQ ID NO: 1737, SEQ ID NO: 1750, SEQ ID NO: 1763, SEQ ID NO: 1776 и SEQ ID NO: 1932;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1073, SEQ ID NO: 1151, SEQ ID NO: 1164, SEQ ID NO: 1190, SEQ ID NO: 1203, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1229, SEQ ID NO: 1242, SEQ ID NO: 1320, SEQ ID NO: 1333, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1398, SEQ ID NO: 1411, SEQ ID NO: 1424, SEQ ID NO: 1474, SEQ ID NO: 1475, SEQ ID NO: 1476, SEQ ID NO: 1483, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1492, SEQ ID NO: 1499, SEQ ID NO: 1506, SEQ ID NO: 1513, SEQ ID NO: 1514, SEQ ID NO: 1515, SEQ ID NO: 1516, SEQ ID NO: 1517, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1531, SEQ ID NO: 1538, SEQ ID NO: 1539, SEQ ID NO: 1540, SEQ ID NO: 1547, SEQ ID NO: 1554, SEQ ID NO: 1555, SEQ ID NO: 1556, SEQ ID NO: 1563, SEQ ID NO: 1570, SEQ ID NO: 1571, SEQ ID NO: 1572, SEQ ID NO: 1573, SEQ ID NO: 1574, SEQ ID NO: 1575, SEQ ID NO: 1576, SEQ ID NO: 1577, SEQ ID NO: 1578, SEQ ID NO: 1579, SEQ ID NO: 1580, SEQ ID NO: 1581, SEQ ID NO: 1789, SEQ ID NO: 1802, SEQ ID NO: 1815, SEQ ID NO: 1828, SEQ ID NO: 1841, SEQ ID NO: 1854, SEQ ID NO: 1867, SEQ ID NO: 1880, SEQ ID NO: 1893, SEQ ID NO: 2075, SEQ ID NO: 2088, SEQ ID NO: 2101, SEQ ID NO: 2114, SEQ ID NO: 2127, SEQ ID NO: 2140, SEQ ID NO: 2153, SEQ ID NO: 2166, SEQ ID NO: 2192, SEQ ID NO: 2205 и SEQ ID NO: 2218-2228; и

(e) как представлено в SEQ ID NO: 995, SEQ ID NO: 1594 и SEQ ID NO: 1607.

Кроме того, изобретение относится к последовательности нуклеиновой кислоты, кодирующей конструкцию антитела по изобретению.

Более того, изобретение относится к вектору, содержащему последовательность нуклеиновой кислоты по изобретению. Более того, изобретение относится к клетке-хозяину, трансформированной или трансфицированной последовательностью нуклеиновой кислоты по изобретению.

В следующем варианте осуществления изобретение относится к способу получения конструкции антитела по изобретению, причем указанный способ включает культивирование клетки-хозяина по изобретению в условиях, позволяющих экспрессию конструкции антитела по изобретению и выделение полученной конструкции антитела из культуры.

Более того, изобретение относится к фармацевтической композиции, содержащей конструкцию антитела по изобретению или конструкцию антитела, полученную способом по изобретению.

В одном варианте осуществления изобретение относится к конструкции антитела по изобретению или конструкции антитела, полученной способом по изобретению для применения для предупреждения, лечения или смягчения меланомы или метастазирующей меланомы.

Также изобретение относится к способу лечения или смягчения меланомы или метастазирующей меланомы, включающему стадию введения индивидууму, нуждающемуся в этом, конструкции антитела по изобретению или конструкции антитела, полученной способом по изобретению.

В предпочтительном варианте осуществления способа применения по изобретению меланома или метастазирующая меланома выбрана из группы, состоящей из поверхностно распространяющейся меланомы, злокачественного лентиго, меланомы типа злокачественного лентиго, акральной лентигинозной меланомы и узловой меланомы.

В следующем варианте осуществления изобретение относится к набору, содержащему конструкцию антитела по изобретению или конструкцию антитела, полученную способом по изобретению, к вектору по изобретению и/или клетке-хозяину по изобретению.

#### Краткое описание чертежей

Фиг.1:

На фиг.1 представлены данные жизнеспособности клеток Colo-699, которые обрабатывали полностью человеческими антителами против CDH19 и высокой концентрацией одновалентного Fab козы против Fc человека, конъюгированного с DM1 (DM1-Fab), при соотношении лекарственное средство-антитело (DAR) (~1,3).

Фиг.2:

На фиг.2 представлены данные средней жизнеспособности клеток из анализа с CHL-1, нанесенные на график против данных средней жизнеспособности клеток из анализа с Colo-699.

Фиг.3:

На фиг.3 представлена относительная экспрессия мРНК CDH19 в образцах метастазирующей и первичной меланомы.

Фиг.4:

На фиг.4 представлена экспрессия белка CDH19 в образцах опухоли человека согласно IHC.

Фиг.5:

На фиг.5 представлены результаты анализа опухолевых клеточных линий с использованием проточной цитометрии и IHC для идентификации модельных систем с экспрессией CDH19, сходной с экспрессией CDH19 опухолями человека, исходя из числа рецепторов CDH19, присутствующих на клеточной поверхности.

Фиг.6:

FACS-анализ биспецифических антител против CDH19/CD3 в отношении указанных клеточных линий:

1) нетрансфицированные клетки L1.2. 2) клетки L1.2, стабильно трансфицированные CDH19 человека, 3) клеточная линия меланомы CHL-1, 4) клеточная линия меланомы A2058, 5) положительная по CD3 человека Т-клеточная линия человека HBR-ALL, 6) Т-клеточная линия макака 4119 LnPx. Отрицательные контроли [1)-6)]: антитела для обнаружения без предшествующего биспецифического антитела против CDH19/CD3.

Фиг.7:

Цитотоксическая активность биспецифических антител CDH19/CD3 при измерении в 48-часовом анализе цитотоксичности на основе FACS. Эффекторные клетки: нестимулированные PBMC человека. Клетки-мишени: как указано. Соотношение эффекторных

клеток и клеток-мишеней (Е:Т): 10:1.

Фиг.8:

Ингибирование роста опухоли из клеток Colo699 *in vivo* посредством введения CDH19 ViTE 2G6. Конструкция биспецифического антитела ингибирует рост опухолей в дозе 0,5 мг/кг.

Фиг.9:

Ингибирование роста опухоли из клеток CHL-1 *in vivo* путем введения CDH19 ViTE 2G6. Конструкция биспецифического антитела ингибирует рост опухолей в дозе 0,5 мг/кг.

Фиг.10:

Цитотоксическая активность биспецифических антител против CDH19/CD3 при измерении в 48-часовом анализе цитотоксичности на основе визуализации. Эффекторные клетки: нестимулированные Т-клетки человека. Клетки-мишени: как указано. Соотношение эффекторных клеток и клеток-мишеней (Е:Т): 10:1.

Фиг.11:

Хроматограмма IMAC для улавливания и элюирования CH19 2G6 302 x I2C SA21

Типичный профиль элюирования IMAC, полученный в процессе очистки антитела CDH19 ViTE. Красная линия указывает на поглощение при 254 нм, синяя линия указывает на поглощение при 280 нм. Коричневая линия указывает на проводимость. 1 - улавливание. 2 - преэлюирование 50 мМ имидазолом. 3. элюирование ViTE 500 мМ имидазолом.

Фиг.12:

Хроматограмма улавливания и элюирования CH19 2G6 302 x F12Q с белком А

Типичный профиль элюирования с белком А, полученный в процессе очистки антитела CDH19 ViTE. Красная линия указывает на поглощение при 254 нм, синяя линия указывает на поглощение при 280 нм. Коричневая линия указывает на проводимость. Зеленая линия указывает на используемый процент градиента. 1 - улавливание. 2 - элюирование ViTE.

Фиг.13:

Профиль элюирования SEC для антитела CDH19 ViTE 2G6 302 x

## I2C SA21

Типичный профиль элюирования SEC, полученный в процессе очистки антитела CDH19 ViTE. Указаны пики белков, соответствующие мономерным и димерным изоформам ViTE. LMW = низкая молекулярная масса. Красной линией указано поглощение при 254 нм, синей линией указано поглощение при 280 нм. Коричневой линией указана проводимость. 1 – агрегаты не ViTE в эксклюзионном объеме SEC. 2. димер ViTE. 3. мономер ViTE. 4. низкомолекулярные примеси и соли

Фиг.14:

Анализ PAGE с восстановленным SDS для мономера CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21 (слева) и маркер молекулярной массы Novex Sharp Protein Standard (Life Technologies).

Фиг.15:

Хроматограмма HP-SEC, демонстрирующая элюирование CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21 после хранения в течение семи суток при 37°C. Розовой линией указано оптическое поглощение при длине волны 210 нм. Коричневая линия указывает на проводимость.

1. димер ViTE. 2. мономер ViTE

Фиг.16:

Хроматограмма HP-SEC, демонстрирующая элюирование CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21 после трех циклов замораживания/оттаивания. Розовой линией указано оптическое поглощение при длине волны 210 нм. Коричневой линией указана проводимость. 1. мономер ViTE

Фиг.17:

Хроматограмма CatIEH для элюирования CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21. Синей линией указано оптическое поглощение при 280 нм. Красной линией указано оптическое поглощение при 254 нм.

Фиг.18:

Профиль элюирования HIC для CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21. Синей линией указано оптическое поглощение при 280 нм. Красной линией указано оптическое поглощение при 254 нм. Коричневой линией указана проводимость.

Фиг.19:

Анализ FACS для биспецифических антител против CDH19/CD3 на указанных клеточных линиях: 1) клетки HEK293, стабильно трансфицированные CDH19 человека, 2) положительная по CD3 человека линия Т-клеток человека HBP-ALL; отрицательные контроли [1) и 2)]: антитела для обнаружения без предшествующего культурального супернатанта клеток с биспецифическим антителом против CDH19/CD3.

Фиг.20:

Цитотоксическая активность биспецифических антител против CDH19/CD3 при измерении в 18-часовом анализе цитотоксичности на основе высвобождения хрома. Эффекторные клетки: стимулированные CD8+ Т-клетки человека. Клетки-мишени: HEK293, трансфицированные CDH19 человека. Соотношение эффекторных клеток и клеток-мишеней (E:T): 10:1.

#### Подробное описание изобретения

Определения:

Следует отметить, что, как используют в рамках изобретения, формы единственного числа включают множественное число указываемых объектов, если контекст не указывает на иное. Таким образом, например, указание на "реагент" включает один или несколько таких различных реагентов и указание на "способ" включает указание на эквивалентные стадии и способы, известные средним специалистам в данной области, которые могут модифицировать или заменять способы, описанные в настоящем описании.

Если нет иных указаний, следует понимать, что термин "по меньшей мере", предшествующий последовательности элементов, относится к каждому элементу в последовательности. Специалистам в данной области будет понятно или они будут способны установить с использованием не более чем стандартного экспериментирования, многие эквиваленты конкретных вариантов осуществления изобретения, описанных в настоящем описании. Подразумевают, что такие эквиваленты охватываются настоящим изобретением.

Термин "и/или", когда его используют в рамках настоящего

изобретения, включает значения "и", "или" и "все или любая другая комбинация элементов, связанных указанным термином".

Термин "приблизительно" или "примерно", как используют в рамках изобретения, означает нахождение в пределах  $\pm 20\%$ , предпочтительно в пределах  $\pm 15\%$ , более предпочтительно в пределах  $\pm 10\%$  и наиболее предпочтительно в пределах  $\pm 5\%$  от данной величины или диапазона.

На протяжении настоящей заявки и формулы изобретения, которая следует за ней, если контекст не требует иного, слово "содержать" и его варианты, такие как "содержит" и "содержащий", подразумевают включение указанного целого числа или стадии, или группы целых чисел или стадий, но не исключение какого-либо другого целого числа или стадии, или группы чисел или стадий. Как используют в рамках настоящего изобретения, термин "содержащий" может быть заменен на термин "вмещающий" или "включающий", или иногда, как используют в рамках настоящего изобретения, термин "имеющий".

Как используют в рамках настоящего изобретения, "состоящий из" исключает любой элемент, стадию или ингредиент, не указанные для элемента формулы изобретения. Как используют в рамках настоящего изобретения, "по существу состоящий из" не исключает материалов или стадий, которые не оказывают существенного влияния на основные и новые характеристики пункта формулы изобретения.

В каждом случае в рамках настоящего изобретения любой из терминов "содержащий", "по существу состоящий из" и "состоящий из" может быть заменен любым из двух других терминов.

Определение термина "антитело" включает варианты осуществления, такие как моноклональные, химерные, одноцепочечные, гуманизированные и человеческие антитела, а также фрагменты антител, такие как, среди прочих, Fab-фрагменты. Фрагменты или производные антител, кроме того, включают фрагменты  $F(ab')_2$ , Fv, scFv или однодоменные антитела, такие как доменные антитела или наноантитела, антитела с одним переменным доменом или единичный переменный домен иммуноглобулина, содержащие только один переменный домен,



который может представлять собой V<sub>HH</sub>, V<sub>H</sub> или V<sub>L</sub>, которые специфически связывают антиген или эпитоп независимо от других V-областей или доменов; см., например, Harlow and Lane (1988) и (1999), loc. cit.; Kontermann and Dübel, *Antibody Engineering*, Springer, 2nd ed. 2010 и Little, *Recombinant Antibodies for Immunotherapy*, Cambridge University Press 2009. Такой единичный переменный домен иммуноглобулина охватывает не только выделенный полипептид единичного переменного домена антитела, но также более крупные полипептиды, которые содержат один или несколько мономеров полипептидной последовательности единичного переменного домена антитела.

Наряду с этим определением все описанные варианты осуществления термина "антитело" могут быть отнесены к термину "конструкция антитела". Указанный термин также включает диантитела или переориентирующиеся антитела с двойной аффинностью (DART). Кроме того, предусматриваются (биспецифические) одноцепочечные диантитела, тандемные диантитела (Tandab), "миниантитела", иллюстрируемые следующей структурой: (V<sub>H</sub>-V<sub>L</sub>-CH<sub>3</sub>)<sub>2</sub>, (scFv-CH<sub>3</sub>)<sub>2</sub> или (scFv-CH<sub>3</sub>-scFv)<sub>2</sub>, антитела "Fc DART" и антитела "IgG DART", и мультиантитела, такие как триантитела. Единичные переменные домены иммуноглобулинов охватывают не только выделенный полипептид единичного переменного домена антитела, но также более крупные полипептиды, которые содержат один или несколько мономеров полипептидной последовательности единичного переменного домена антитела.

В данной области известны и могут быть использованы различные методики получения таких конструкций антител (антитела и/или фрагменты). Таким образом, производные (антител) можно получать с помощью пептидомиметиков. Кроме того, способы, описанные для продуцирования одноцепочечных антител (см., среди прочего, патент США 4946778, Kontermann and Dübel (2010), в цитированном отрывке, и Little (2009), в цитированном отрывке), можно адаптировать для получения одноцепочечных антител, специфичных к выбранному полипептиду(ам). Также можно использовать трансгенных животных

для экспрессии гуманизированных антител, специфичных к полипептидам и слитым белкам по настоящему изобретению. Для получения моноклональных антител можно использовать любой способ, обеспечивающий антитела, продуцируемые стабильными культурами клеточных линий. Примеры таких способов включают способ гибридом (Köhler and Milstein Nature 256 (1975), 495-497), способ триом, способ В-клеточных гибридом человека (Kozbor, Immunology Today 4 (1983), 72) и способ EBV-гибридомы для получения моноклональных антител человека (Cole et al., Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy, Alan R. Liss, Inc. (1985), 77-96). Для повышения эффективности фаговых антител, которые связываются с эпитопом полипептида-мишени, таким как CD3-эпсилон, можно использовать поверхностный плазмонный резонанс, как используется в системе BIAcore (Schier, Human Antibodies Hybridomas 7 (1996), 97-105; Malmberg, J. Immunol. Methods 183 (1995), 7-13). Также в контексте настоящего изобретения предусматривается, что термин "антитело" включает конструкции антител, которые могут экспрессироваться у хозяина, как описано в настоящем описании ниже, например, конструкции антител, которые можно трансфицировать и/или трансдуцировать, среди прочего, через вирусы или плазмидные векторы.

Более того, термин "антитело", как используют в рамках настоящего изобретения, также относится к производным или вариантам антител, описанных в настоящем описании, которые проявляют ту же специфичность, что и описанные антитела.

Термины "антигенсвязывающий домен", "антигенсвязывающий фрагмент" и "связывающая область антитела", как используют в рамках настоящего изобретения, относятся к части молекулы антитела, которая содержит аминокислоты, ответственные за специфическое связывание между антителом и антигеном. Часть антигена, которая специфически распознается и связывается антителом, называют "эпитопом", как описано в настоящем описании выше. Как упоминалось выше, антигенсвязывающий домен, как правило, может содержать переменную область легкой цепи антитела (VL) и переменную область тяжелой цепи антитела (VH); однако он не должен содержать обе из них. Fd-фрагменты,

например, имеют две области VH и часто сохраняют некоторую антигенсвязывающую функцию неизмененного антигенсвязывающего домена. Примеры антигенсвязывающих фрагментов антитела включают (1) Fab-фрагмент, одновалентный фрагмент, имеющий домены VL, VH, CL и CH1; (2) F(ab')<sub>2</sub>-фрагмент, двухвалентный фрагмент, имеющий два Fab-фрагмента, связанных дисульфидным мостиком в шарнирной области; (3) Fd-фрагмент, имеющий два домена VH и CH1; (4) Fv-фрагмент, имеющий домены VL и VH одного плеча антитела, (5) dAb-фрагмент (Ward et al., (1989) Nature 341:544-546), который имеет VH-домен; (6) выделенную определяющую комплементарность область (CDR), и (7) одноцепочечный Fv (scFv). Хотя два домена Fv-фрагмента, VL и VH, кодируются двумя отдельными генами, они могут быть связаны с использованием рекомбинантных способов синтетическим линкером, который позволяет получать их в качестве единой белковой цепи, в которой области VL и VH образуют пары, формируя одновалентные молекулы (известные как одноцепочечный Fv (scFv); см. например, Huston et al. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci USA 85:5879-5883). Эти фрагменты антител получают с использованием общепринятых способов, известных специалистам в данной области, и фрагменты оценивают в отношении функции аналогично интактным антителам.

Термин "моноклональные антитела", как используют в рамках изобретения, относится к антителу, полученному из совокупности по существу однородных антител, т.е. индивидуальные антитела, составляющие совокупность, являются идентичными, за исключением возможных встречающихся в природе мутаций и/или посттрансляционных модификаций (например, изомеризаций, амидирований), которые могут присутствовать в незначительных количествах. Моноклональные антитела являются высокоспецифическими, являясь направленными против одного антигенного центра. Более того, в противоположность общепринятым (поликлональным) препаратам антител, которые, как правило, включают различные антитела, направленные против различных детерминант (эпитопов), каждое моноклональное антитело направлено против одной детерминанты на антигене. В дополнение к их специфичности, моноклональные антитела являются

преимущественными в том, что они синтезируются культурой гибридом без примесей других иммуноглобулинов. Определение "моноклональные" указывает на тот признак антитела, что они получены по существу из однородной совокупности антител и его не следует истолковывать как требующий продуцирования антитела каким-либо конкретным способом. Например, моноклональные антитела для применения в соответствии с настоящим изобретением можно получать способом гибридом, впервые описанным Kohler *et al.*, Nature, 256: 495 (1975), или их можно получать способами рекомбинантных ДНК (см., например, патент США № 4816567). "Моноклональные антитела" также можно выделять из библиотек фаговых антител с использованием способов, описанных, например, в Clackson *et al.*, Nature, 352: 624-628 (1991) и Marks *et al.*, J. Mol. Biol., 222: 581-597 (1991).

Термин "антитело человека" включает антитела, имеющие переменные и константные области, соответствующие по существу человеческим последовательностям иммуноглобулина человека эмбрионального типа, известным в данной области, включая, например, антитела, описанные Kabat *et al.* (см. Kabat *et al.* (1991) в цитированном отрывке). Антитела человека по изобретению могут включать аминокислотные остатки, не кодируемые последовательностями иммуноглобулинов человека эмбрионального типа (например, мутации, внесенные случайным или сайт-специфическим мутагенезом *in vitro* или соматическая мутация *in vivo*), например в CDR, и, в частности, CDR3. Антитело человека может иметь по меньшей мере одно, два, три, четыре, пять или более положений, замененных аминокислотным остатком, который не кодируется последовательностью иммуноглобулина человека эмбрионального типа. Подчеркивается, что определение "антитела человека", как используют в рамках изобретения, также предусматривает полностью человеческие антитела, которые включают только измененные не искусственным путем и/или генетически измененные последовательности антител человека, которые могут быть получены с использованием технологий, в которых используются такие системы, как Xenomice.

Примеры "вариантов антител" включают гуманизированные

варианты не являющихся человеческим антител, антитела, полученные "созреванием аффинности" (см., например, Hawkins et al. J. Mol. Biol. 254, 889-896 (1992) и Lowman et al., Biochemistry 30, 10832- 10837 (1991)) и мутанты антител с измененной эффекторной функцией(ями) (см., например, патент США 5648260, Kontermann and Dübel (2010), в цитированном отрывке и Little(2009), в цитированном отрывке).

Как используют в рамках изобретения, "антитело, полученное *in vitro*", относится к антителу, где вся или часть вариабельной области (например, по меньшей мере одна CDR) получена при селекции неиммунных клеток (например, фаговый дисплей *in vitro*, белковый чип или любой другой способ, при котором последовательности-кандидаты можно исследовать в отношении их способности связываться с антигеном). Таким образом, этот термин предпочтительно исключает последовательности, полученные реаранжировкой генома в иммунной клетке.

Образование пар VH и VL формирует один антигенсвязывающий центр. CH-домен, наиболее проксимальный относительно VH, обозначают как CH1. Каждая L-цепь связана с H-цепью одной ковалентной дисульфидной связью, в то время как две H-цепи связаны друг с другом одной или несколькими дисульфидными связями, в зависимости от изоформа H-цепи. Домены VH и VL состоят из четырех областей с относительно консервативными последовательностями, называемых каркасными областями (FR1, FR2, FR3 и FR4), которые образуют каркас для трех областей гипервариабельных последовательностей (определяющие комплементарность области, CDR). CDR содержат большинство остатков, ответственных за специфические взаимодействия антитела с антигеном. CDR обозначают как CDR1, CDR2 и CDR3. Таким образом, элементы CDR на тяжелой цепи обозначают как H1, H2 и H3, в то время как элементы CDR на легкой цепи обозначают как L1, L2 и L3.

Термин "вариабельный" относится к участкам доменов иммуноглобулинов, которые проявляют вариабельность их последовательности и которые вовлечены в определение специфичности и аффинности связывания конкретного антитела

(т.е. "вариабельный домен(ы)"). Вариабельность неравномерно распределена по вариабельным доменам антител; она сконцентрирована в субдоменах каждой из вариабельных областей тяжелой и легкой цепи. Эти субдомены называют "гипервариабельными" областями или "определяющими комплементарность областями" (CDR). Более консервативные (т.е. не гипервариабельные) участки вариабельных доменов называют "каркасными" областями (FRM). Каждый из вариабельных доменов встречающихся в природе тяжелых и легких цепей содержит четыре области FRM, в основном принимающие конфигурацию  $\beta$ -слоя, связанные тремя гипервариабельными областями, которые образуют петли, соединяющие, и в некоторых случаях образующие часть, структуры  $\beta$ -слоя. Гипервариабельные области в каждой цепи удерживаются вблизи друг друга посредством FRM и с гипервариабельными областями из другой цепи участвуют в образовании антигенсвязывающего центра (см. Kabat *et al.*, в цитированном отрывке). Константные домены не вовлечены прямо в связывание антигена, но проявляют различные эффекторные функции, например, такие как антителозависимая клеточноопосредуемая цитотоксичность и активация комплемента.

Термины "CDR" и его множественное число относятся к определяющей комплементарности области (CDR), причем три определяющих комплементарности области определяют характер связывания вариабельной области легкой цепи (CDRL1, CDRL2 и CDRL3) и три определяющих комплементарности области определяют характер связывания вариабельной области тяжелой цепи (CDRH1, CDRH2 и CDRH3). CDR участвуют в функциональной активности молекулы антитела, и они разделены аминокислотными последовательностями, которые содержат образующие остов или каркасные области. Точные определяющие границы и длины CDR являются предметом различных систем классификации и нумерации. Таким образом, CDR могут быть указаны с помощью определений границ Kabat, Chothia, определений границ контакта или любых других определений границ, включая систему нумерации, описанную в настоящем описании. Несмотря на различные границы, каждая из этих систем имеет некоторую степень перекрытия в том, что

составляет так называемые "гипервариабельные области" в вариабельных последовательностях. Таким образом, определения CDR в соответствии с этими системами могут отличаться длиной и областями границ относительно соседней каркасной области. См. например Kabat, Chothia и/или MacCallum (Kabat *et al.*, loc. cit.; Chothia *et al.*, J. Mol. Biol, 1987, 196: 901; и MacCallum *et al.*, J. Mol. Biol, 1996, 262: 732). Однако нумерация в соответствии с так называемой системой Kabat является предпочтительной. CDR3 легкой цепи и, в частности, CDR3 тяжелой цепи могут представлять собой наиболее важные детерминанты при связывании антигена в вариабельных областях легкой и тяжелой цепей. В некоторых конструкциях антител CDR3 тяжелой цепи, по-видимому, составляют основную область контакта между антигеном и антителом. Схемы селекции *in vitro*, при которых варьируют только CDR3, можно использовать для варьирования связывающих свойств антитела или определения того, какие остатки участвуют в связывании антигена.

"По существу состоящий из" означает, что аминокислотная последовательность может варьировать приблизительно на 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 или 15% относительно указанной последовательности SEQ ID NO: и все еще сохранять биологическую активность, как описано в настоящем описании.

В некоторых вариантах осуществления конструкции антитела по изобретению представляют собой выделенные белки или по существу чистые белки. "Выделенный" белок не сопровождается по меньшей мере некоторой частью материала, с которым он обычно ассоциирован в его природном состоянии, например, он составляет по меньшей мере приблизительно 5% или по меньшей мере приблизительно 50% по массе от всего белка в данном образце. Понятно, что выделенный белок может составлять от 5 до 99,9% по массе общего содержания белка в зависимости от обстоятельств. Например, белок можно получать в значительно более высокой концентрации с использованием индуцибельного промотора или промотора с высокой экспрессией, так чтобы получать белок в увеличенной концентрации. Определение включает продуцирование антигенсвязывающего белка в широком множестве организмов и/или

клеток-хозяев, которые известны в данной области.

Для аминокислотных последовательностей идентичность и/или сходство последовательностей определяют с использованием стандартных способов, известных в данной области, включая, но не ограничиваясь ими, алгоритм локальной идентичности последовательностей от Smith and Waterman, 1981, *Adv. Appl. Math.* 2:482, алгоритм выравнивания для определения идентичности последовательностей Needleman and Wunsch, 1970, *J. Mol. Biol.* 48:443, способ поиска сходства Pearson and Lipman, 1988, *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.* 85:2444, компьютерную реализацию этих алгоритмов (GAP, BESTFIT, FASTA и TFASTA в пакете программ Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wis.), программу для последовательностей Best Fit, описанную Devereux *et al.*, 1984, *Nucl. Acid Res.* 12:387-395, предпочтительно с использованием параметров по умолчанию, или путем визуального исследования. Предпочтительно, процентную идентичность вычисляют с помощью FastDB, исходя из следующих параметров: штраф за несоответствие оснований 1; штраф за пропуск 1; штраф за продолжение пропуска 0,33; и штраф за сращивание 30, "Current Methods in Sequence Comparison and Analysis", *Macromolecule Sequencing and Synthesis, Selected Methods and Applications*, pp 127-149 (1988), Alan R. Liss, Inc.

Примером пригодного алгоритма является PILEUP. PILEUP осуществляет множественное выравнивание последовательностей из группы родственных последовательностей с использованием прогрессирующего попарного выравнивания. Также он может строить древовидный график, демонстрирующий кластеризующие взаимосвязи, используемые для осуществления выравнивания. В PILEUP используется упрощение способа прогрессирующего выравнивания Feng & Doolittle, 1987, *J. Mol. Evol.* 35:351-360; способ является сходным со способом, описанным Higgins and Sharp, 1989, *SABIOS* 5:151-153. Пригодные параметры PILEUP включают вес пропуска по умолчанию, составляющий 3,00, вес длины пропуска по умолчанию, составляющий 0,10, и имеющие вес концевые пропуски.

Другим примером пригодного алгоритма является алгоритм



BLAST, описанный в: Altschul *et al.*, 1990, *J. Mol. Biol.* 215:403-410; Altschul *et al.*, 1997, *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402; и Karin *et al.*, 1993, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 90:5873-5787. Особенно пригодной программой BLAST является программа WU-BLAST-2, которая была создана Altschul *et al.*, 1996, *Methods in Enzymology* 266:460-480. В WU-BLAST-2 используется несколько параметров поиска, большинство из которых установлены на величины по умолчанию. Устанавливают следующие величины корректируемых параметров: интервал перекрывания =1, доля перекрывания=0,125, порог слова (T)=II. Параметры HSP S и HSP S2 представляют собой динамические величины, и они устанавливаются самой программой в зависимости от состава конкретной последовательности и состава конкретной базы данных, против которой проводят поиск последовательности; однако величины можно корректировать для увеличения чувствительности.

Дополнительным пригодным алгоритмом является gapped BLAST, описанный Altschul *et al.*, 1993, *Nucl. Acids Res.* 25:3389-3402. В Gapped BLAST используются таблицы подстановки BLOSUM-62; пороговый параметр T, установленный на 9; способ двух совпадений для запуска удлинений без пропуска, стоимость длины пропуска k, составляющая 10+k; X<sub>u</sub>, установленный на 16, и X<sub>g</sub>, установленный на 40 для стадии поиска в базе данных и на 67 для выходной стадии алгоритмов. Выравнивания с пропусками запускаются показателем, соответствующим приблизительно 22 битам.

Как правило, гомология, сходство или идентичность аминокислот между индивидуальными вариантами CDR составляют по меньшей мере 80% с последовательностями, представленными в настоящем описании, и, более конкретно, предпочтительно с возрастающей гомологией или идентичностью, составляющей по меньшей мере 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% и практически 100%. Аналогично, "процентную идентичность (%)" последовательности нуклеиновых кислот" в отношении последовательностей нуклеиновой кислоты связывающих белков, идентифицированных в настоящем описании, определяют как процент

нуклеотидных остатков в последовательности-кандидате, которые идентичны нуклеотидным остаткам в кодирующей последовательности антигенсвязывающего белка. В конкретном способе используется модуль BLASTN набора параметров по умолчанию WU-BLAST-2 с интервалом перекрытия и долей перекрытия, установленными на 1 и 0,125, соответственно.

Как правило, гомология, сходство или идентичность последовательностей нуклеиновых кислот между нуклеотидными последовательностями, кодирующими индивидуальные варианты CDR, и нуклеотидными последовательностями, описанными в настоящем описании, составляют по меньшей мере 80%, и более конкретно предпочтительно с возрастающей гомологией или идентичностью по меньшей мере 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, или 99%, и практически 100%.

Таким образом, "вариант CDR" представляет собой вариант с указанной гомологией, сходством или идентичностью с родительским CDR по изобретению, и он обладает биологической функцией, включая, но не ограничиваясь ими, по меньшей мере 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% или 99% специфичности и/или активности родительской CDR.

В то время как участок или область для внесения варьирования в аминокислотную последовательность является заранее определенным, мутация сама по себе не должна быть заранее определенной. Например, для оптимизации эффективности мутации в данном участке, может быть проведен случайный мутагенез в кодоне-мишени или области-мишени, и экспрессированные варианты CDR антигенсвязывающего белка могут быть подвергнуты скринингу в отношении оптимальной комбинации желаемых видов активности. Способы получения мутаций с заменами в заданных участках ДНК, имеющей известную последовательность, хорошо известны, например, мутагенез с праймерами M13 и ПЦР-мутагенез. Скрининг мутантов проводят с использованием анализов видов активности антигенсвязывающего белка, таких как связывание CDH19.

Термины "аминокислота" или "аминокислотный остаток", главным образом, относятся к аминокислоте, имеющей известное в данной области определение, такой как аминокислота, выбранная из группы, состоящей из: аланина (Ala или A); аргинина (Arg или R); аспарагина (Asn или N); аспарагиновой кислоты (Asp или D); цистеина (Cys или C); глутамина (Gln или Q); глутаминовой кислоты (Glu или E); глицина (Gly или G); гистидина (His или H); изолейцина (Ile или I); лейцина (Leu или L); лизина (Lys или K); метионина (Met или M); фенилаланина (Phe или F); пролина (Pro или P); серина (Ser или S); треонина (Thr или T); триптофана (Trp или W); тирозина (Tyr или Y); и валина (Val или V), хотя при желании можно использовать модифицированные, синтетические или редкие аминокислоты. Как правило, аминокислоты можно подразделять на группы аминокислот, имеющих неполярную боковую цепь (например, Ala, Cys, Ile, Leu, Met, Phe, Pro, Val); отрицательно заряженную боковую цепь (например, Asp, Glu); положительно заряженную боковую цепь (например, Arg, His, Lys); или незаряженную полярную боковую цепь (например, Asn, Cys, Gln, Gly, His, Met, Phe, Ser, Thr, Trp и Tyr).

Термин "гипервариабельная область" (также известный как "определяющие комплементарность области" или CDR), как используют в рамках настоящего изобретения, относится к аминокислотным остаткам антитела, которые (обычно три или четыре коротких области чрезвычайной вариабельности последовательностей) находятся в пределах домена V-области иммуноглобулина, которые образуют антигенсвязывающий центр и являются основными детерминантами антигенной специфичности. Существует по меньшей мере два способа идентификации остатков CDR: (1) подход на основе перекрестной видовой вариабельности последовательностей (т.е. Kabat *et al.*, в цитированном отрывке); и (2) подход на основе кристаллографических исследований комплексов антиген-антитело (Chothia, C. *et al.*, J. Mol. Biol. 196: 901-917 (1987)). Однако поскольку эти два способа идентификации остатков определяют области перекрытия, но не идентичные области, их можно комбинировать для определения гибридной CDR. Однако, как правило, остатки CDR

предпочтительно идентифицируют в соответствии с так называемой системой (нумерации) Kabat.

Термин "каркасная область" относится к известным в данной области частям вариабельной области антитела, которые находятся между более дивергентными (т.е. гипервариабельными) CDR. Такие каркасные области, как правило, называют каркасными областями 1-4 (FR1, FR2, FR3 и FR4), и они обеспечивают каркас для представления шести CDR (три из тяжелой цепи и три из легкой цепи) в трехмерном пространстве с образованием антигенсвязывающей поверхности.

Как правило, CDR образуют структуру петли, которую можно классифицировать как каноническая структура. Термин "каноническая структура" относится к конформации основной цепи, которую принимают антигенсвязывающие (CDR) петли. В сравнительных структурных исследованиях было выявлено, что пять из шести антигенсвязывающих петель имеют только ограниченный репертуар доступных конформаций. Каждая каноническая структура может быть охарактеризована торсионными углами полипептидного остова. Таким образом, соответствующие петли между антителами могут иметь очень сходные трехмерные структуры, несмотря на высокую вариабельность аминокислотной последовательности в большинстве частей петель (Chothia and Lesk, *J. Mol. Biol.*, 1987, 196: 901; Chothia et al., *Nature*, 1989, 342: 877; Martin and Thornton, *J. Mol. Biol.*, 1996, 263: 800, все из которых включены в настоящее описание в качестве ссылок в полном объеме). Более того, существует взаимосвязь между принимаемой структурой петли и аминокислотными последовательностями, окружающими ее. Конформация конкретного канонического класса определяется длиной петли и аминокислотными остатками, находящимися в ключевых положениях в петле, а также в консервативной каркасной области (т.е. вне петли). Отнесение к конкретному каноническому классу может быть осуществлено на основе присутствия этих ключевых аминокислотных остатков. Термин "каноническая структура" также может учитывать линейную последовательность антитела, например, как перечислено Kabat (Kabat et al., в цитированном отрывке). Схема (система)

нумерации Kabat является широкопризнанным стандартом для последовательной нумерации аминокислотных остатков переменного домена антитела, и она является предпочтительной схемой, используемой в рамках настоящего изобретения, как также упоминается в настоящем описании. Также для определения канонической структуры антитела можно использовать дополнительные структурные факторы. Например, эти отличия, не полностью отражающиеся нумерацией Kabat, могут быть описаны с помощью системы нумерации Chothia et al и/или выявлены другими способами, например, кристаллографией и двух- или трехмерным компьютерным моделированием. Таким образом, данная последовательность антитела может быть отнесена к каноническому классу, который позволяет, среди прочего, идентифицировать соответствующие каркасные последовательности (например, если желательно включить различные канонические структуры в библиотеку). Нумерация аминокислотных последовательностей антитела по Kabat и структурные факторы, описанные Chothia et al., в цитированном отрывке, и их значение для объяснения канонических аспектов структуры антитела описаны в литературе.

CDR3, как правило, является наиболее значительным источником молекулярного разнообразия в связывающем центре антитела. H3, например, может иметь только два аминокислотных остатка в длину или может превышать 26 аминокислот. Субъединичные структуры и трехмерные конфигурации различных классов иммуноглобулинов хорошо известны в данной области. Для обзора структуры антитела см. *Antibodies: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, eds. Harlow et al., 1988. Специалисту в данной области будет понятно, что каждая субъединичная структура, например, структура CH, VH, CL, VL, CDR, FR, содержит активные фрагменты, например, часть субъединицы VH, VL или CDR, которая связывается с антигеном, т.е. антигенсвязывающим фрагментом, или, например, часть субъединицы CH, которая связывает и/или активирует, например, Fc-рецептор и/или комплемент. CDR, как правило, относятся к CDR по Kabat, как описано в *Sequences of Proteins of immunological Interest*, US Department of Health and Human Services (1991),

eds. Kabat *et al.* Другой стандарт для охарактеризации антигенсвязывающего центра относится к гипервариабельным петлям, как описано Chothia. См., например, Chothia, *et al.* (1987; *J. Mol. Biol.* 227:799-817); и Tomlinson *et al.* (1995) *EMBO J.* 14: 4628-4638. Другим стандартом является определение AbM, используемое программным обеспечением для моделирования антител AbM от Oxford Molecular. См., главным образом, например, Protein Sequence and Structure Analysis of Antibody Variable Domains. Antibody Engineering Lab Manual (Ed.: Duebel, S. and Kontermann, R., Springer-Verlag, Heidelberg). Варианты осуществления, описанные в отношении CDR по Kabat, альтернативно могут быть осуществлены с использованием сходных описанных взаимосвязей в отношении гипервариабельных петель по Chothia или определенных с помощью AbM петель.

Последовательность генов антител после сборки и соматической мутации высоко варьирует и, согласно оценкам, эти варьирующие гены кодируют  $10^{10}$  различных молекул антител (Immunoglobulin Genes, 2<sup>nd</sup> ed., eds. Jonio *et al.*, Academic Press, San Diego, CA, 1995). Таким образом, иммунная система обеспечивает репертуар иммуноглобулинов. Термин "репертуар" относится по меньшей мере к одной нуклеотидной последовательности, происходящей полностью или частично из по меньшей мере одной последовательности, кодирующей по меньшей мере один иммуноглобулин. Последовательность(и) может быть получена путем реаранжировки *in vivo* сегментов V, D и J тяжелых цепей, и сегментов V и J легких цепей. Альтернативно последовательность(и) можно получать из клетки, в которой происходит реаранжировка в ответ, например, на стимуляцию *in vitro*. Альтернативно часть или всю последовательность(и) можно получать посредством сплайсинга ДНК, нуклеотидного синтеза, мутагенеза и других способов, см., например, патент США 5565332. Репертуар может включать только одну последовательность или он может включать множество последовательностей, включая последовательности в генетически разнообразном наборе.

Термин "связывающая молекула" или "конструкция антитела" в

контексте настоящего изобретения указывает на любую молекулу, способную (специфически) связываться, взаимодействовать или распознавать молекулы-мишени CDH19 и CD3. Такие молекулы или конструкции могут включать белковые части и небелковые части (например, химические линкеры или химические сшивающие средства, такие как плутаральдегид).

В случае, когда используют линкер, линкер предпочтительно имеет длину и последовательность, достаточные для обеспечения того, чтобы каждый из первого и второго домена мог, независимо от другого, сохранять их характерную специфичность связывания. Наиболее предпочтительно и как описано в прилагаемых примерах, конструкция антитела по изобретению представляет собой "биспецифическую одноцепочечную конструкцию антитела", более предпочтительно, биспецифический одноцепочечный Fv (scFv). Биспецифические одноцепочечные молекулы известны в данной области и описаны в WO 99/54440, Mack, J. Immunol. (1997), 158, 3965-3970, Mack, PNAS, (1995), 92, 7021-7025, Kufer, Cancer Immunol. Immunother., (1997), 45, 193-197, Löffler, Blood, (2000), 95, 6, 2098-2103, Brühl, Immunol., (2001), 166, 2420-2426, Kipriyanov, J. Mol. Biol., (1999), 293, 41-56.

Указанные переменные домены, содержащиеся в описанных в настоящем описании конструкциях антитела, могут быть соединены дополнительными линкерными последовательностями. Термин "пептидный линкер" в соответствии с настоящим изобретением определяет аминокислотную последовательность, посредством которой аминокислотные последовательности первого домена и второго домена конструкции антитела по изобретению связаны друг с другом. Неотъемлемым техническим признаком такого пептидного линкера является то, что указанный пептидный линкер не обладает никакой активностью полимеризации. Среди пригодных пептидных линкеров находятся линкеры, описанные в патентах США 4751180 и 4935233 или WO 88/09344. Предпочтительный вариант осуществления пептидного линкера характеризуется аминокислотной последовательностью Gly-Gly-Gly-Gly-Ser, т.е. Gly<sub>4</sub>Ser или его полимерами, т.е. (Gly<sub>4</sub>Ser)<sub>x</sub>, где x представляет собой целое число, равное 1 или более. Характеристики указанного пептидного

линкера, в котором отсутствует формирование вторичных структур, известны в данной области и описаны, например, в Dall'Acqua et al. (Biochem. (1998) 37, 9266-9273), Cheadle et al. (Mol Immunol (1992) 29, 21-30) и Raag and Whitlow (FASEB (1995) 9(1), 73-80). Пептидные линкеры, которые также не формируют каких-либо вторичных структур, являются предпочтительными. Связь указанных доменов друг с другом может быть обеспечена, например, способами генной инженерии, как описано в примерах. Способы получения слитых и функционально связанных биспецифических одноцепочечных конструкций и экспрессии их в клетках млекопитающих или в бактериях хорошо известны в данной области (например WO 99/54440 или Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, 2001).

Для пептидных линкеров, которые связывают по меньшей мере два связывающих домена в конструкции антитела по изобретению, предпочтительными являются пептидные линкеры, которые содержат только небольшое количество аминокислотных остатков, например 12 аминокислотных остатков или менее. Таким образом, является предпочтительным пептидный линкер из 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6 или 5 аминокислотных остатков. Предусматриваемый пептидный линкер с менее чем 5 аминокислотами содержит 4, 3, 2 или одну аминокислоту(ы), где предпочтительными являются Gly-богатые линкеры. Особенно предпочтительной "единичной" аминокислотой в контексте указанного "пептидного линкера" является Gly. Таким образом, указанный пептидный линкер может состоять из одной аминокислоты Gly.

Термин "полиспецифический", как используют в рамках изобретения, относится к связывающей молекуле, которая представляет собой конструкцию антитела и содержит по меньшей мере первый и второй связывающий домен, где первый связывающий домен способен связываться с одним антигеном или мишенью, и второй связывающий домен способен связываться с другим антигеном или мишенью. Таким образом, конструкции антител по изобретению обладают специфичностью по меньшей мере к двум различным антигенам или мишеням, и они являются по меньшей мере



биспецифическими. "Конструкция антитела" по изобретению также содержит полиспецифические связывающие молекулы, например, такие как триспецифические связывающие молекулы, причем последние включают три связывающих домена.

Также предусматривается, что конструкция антитела по изобретению имеет, в дополнение к его функции связываться с молекулами-мишенями CDH19 и CD3, дополнительную функцию. В этом формате конструкция антитела представляет собой три- или мультифункциональную конструкцию антитела вследствие нацеливания на плазмациты через связывание с CDH19, опосредования активности цитотоксических Т-клеток через связывание CD3 и обеспечения дополнительной функции, как например, полностью функциональный константный домен Fc, опосредующий антителозависимую клеточную цитотоксичность через привлечение эффекторных клеток, таких как NK-клетки, метка (флуоресцентная и т.д.), лекарственное средство, такое как, например токсин или радионуклид, и/или средства для повышения времени полужизни в сыворотке и т.д.

Термин "связывающий домен" применительно к настоящему изобретению характеризует домен, который способен специфически связываться/взаимодействовать с данным эпитопом-мишенью или данным участком-мишенью на молекулах-мишенях CDH19 и CD3.

Связывающие домены могут происходить из донора связывающего домена, например, такого как антитело. Предусматривается, что связывающий домен по настоящему изобретению содержит по меньшей мере указанную часть любого из упомянутых выше связывающих доменов, которая требуется для связывания/взаимодействия с данным эпитопом-мишенью или данным участком-мишенью на молекулах-мишенях CDH19 и CD3.

Предусматривается, что связывающий домен упомянутых выше доноров связывающих доменов характеризуется той частью этих доноров, которая ответственна за связывание соответствующей мишени, т.е. когда эту часть удаляют из донора связывающего домена, указанный донор утрачивает свою связывающую способность. "Утрачивает" означает снижение связывающей способности по меньшей мере на 50% по сравнению с донором

связывающего домена. Способы картирования этих связывающих участков хорошо известны в данной области – таким образом, квалифицированному специалисту известно, как позиционировать/картировать участок связывания в доноре связывающего домена и, тем самым, "получить" указанный связывающий домен из соответствующих доноров связывающих доменов.

Термин "эпитоп" относится к участку на антигене, с которым связывающий домен, такой как антитело, или иммуноглобулин, или производное, или фрагмент антитела или иммуноглобулина, специфически связывается. "Эпитоп" является антигенным и, таким образом, термин эпитоп иногда также обозначают в настоящем описании как "антигенная структура" или "антигенная детерминанта". Таким образом, связывающий домен представляет собой "участок взаимодействия с антигеном". Подразумевают, что указанное связывание/взаимодействие также определяет "специфическое распознавание". В одном примере указанный связывающий домен, который (специфически) связывается/взаимодействует с данным эпитопом-мишенью или данным участком-мишенью на молекулах-мишенях CDH19 и CD3, представляет собой антитело или иммуноглобулин, и указанный связывающий домен представляет собой область VH и/или VL антитела или иммуноглобулина.

"Эпитопы" могут быть образованы как последовательно расположенными аминокислотами, так и расположенными не последовательно аминокислотами, располагающимися рядом в третичной укладке белка. "Линейный эпитоп" представляет собой эпитоп, когда первичная аминокислотная последовательность содержит распознаваемый эпитоп. Линейный эпитоп, как правило, включает по меньшей мере 3 или по меньшей мере 4, и более часто, по меньшей мере 5 или по меньшей мере 6 или по меньшей мере 7, например, от приблизительно 8 до приблизительно 10 аминокислот в уникальной последовательности.

"Конформационный эпитоп", в противоположность линейному эпитопу, представляет собой эпитоп, когда первичная последовательность аминокислот, содержащая эпитоп, не является

единственным определяющим компонентом распознаваемого эпитопа (например, эпитоп, где первичная последовательность аминокислот не обязательно распознается связывающим доменом). Как правило, конформационный эпитоп содержит увеличенное количество аминокислот относительно линейного эпитопа. Что касается распознавания конформационных эпитопов, связывающий домен распознает трехмерную структуру антигена, предпочтительно пептид или белок, или их фрагмент (в контексте настоящего изобретения, антиген для любого из связывающих доменов находится в белке CDH19). Например, когда молекула белка сворачивается с образованием трехмерной структуры, определенные аминокислоты и/или полипептидный остов, формирующий конформационный эпитоп, располагаются рядом, позволяя антителу распознавать эпитоп. Способы определения конформации эпитопов включают, но не ограничиваются ими, рентгеновскую кристаллографию, спектроскопию двумерного ядерного магнитного резонанса (2D-NMR) и сайт-направленное спиновое мечение и спектроскопию электронного парамагнитного резонанса (EPR). Более того, в представленных примерах описан следующий способ охарактеризации данного связывающего домена посредством сортировки, который включает исследование того, связывается ли данный связывающий домен с одним или несколькими кластером(ами) данного белка, в частности, CDH19.

Как используют в рамках изобретения, термин "кластер эпитопов" обозначает совокупность эпитопов, располагающихся в определенном непрерывном участке антигена. Кластер эпитопов может содержать один, два или более эпитопов. Идею кластера эпитопов также используют при охарактеризации признаков конструкций антитела по изобретению.

Термины "(способный) связываться с", "специфически распознающий", "направленный на" и "реагирующий с" в соответствии с настоящим изобретением означают, что связывающий домен способен специфически взаимодействовать с одной или более, предпочтительно по меньшей мере с двумя, более предпочтительно по меньшей мере с тремя и наиболее предпочтительно по меньшей мере с четырьмя аминокислотами

эпитопа.

Как используют в рамках изобретения, термины "специфически взаимодействующий", "специфически связывающийся" или "специфически связывают (связывает)" означают, что связывающий домен проявляет существенную аффинность в отношении конкретного белка или антигена и, как правило, не проявляют значительной реактивности в отношении белков или антигенов, отличных от CDH19 или CD3. "Существенная аффинность" включает связывание с аффинностью приблизительно  $10^{-6}$  М (KD) или прочнее. Предпочтительно, связывание считается специфическим, когда аффинность связывания составляет приблизительно от  $10^{-12}$  до  $10^{-8}$  М, от  $10^{-12}$  до  $10^{-9}$  М, от  $10^{-12}$  до  $10^{-10}$  М, от  $10^{-11}$  до  $10^{-8}$  М, предпочтительно приблизительно от  $10^{-11}$  до  $10^{-9}$  М. То, реагирует ли или связывается ли связывающий домен специфически с мишенью, можно без труда исследовать, среди прочего, путем сравнения реакции указанного связывающего домена с белком-мишенью или антигеном-мишенью с реакцией указанного связывающего домена с белками или антигенами, отличными от CDH19 или CD3. Предпочтительно, связывающий домен по изобретению по существу не связывается или не способен связываться с белками или антигенами, отличными от CDH19 или CD3 (т.е. первый связывающий домен не способен связываться с белками, отличными от CDH19, и второй связывающий домен не способен связываться с белками, отличными от CD3).

Термин "по существу не связывает" или "не способен связываться" означает, что связывающий домен по настоящему изобретению не связывает другой белок или антиген, отличный от CDH19 или CD3, т.е. демонстрирует реактивность не более 30%, предпочтительно не более 20%, более предпочтительно не более 10%, в частности предпочтительно не более 9%, 8%, 7%, 6% или 5% в отношении белков или антигенов, отличных от CDH19 или CD3, где связывание с CDH19 или CD3, соответственно, принято за 100%.

Полагают, что специфическое связывание осуществляется специфическими мотивами в аминокислотной последовательности связывающего домена и антигена. Таким образом, связывание

достигается благодаря их первичной, вторичной и/или третичной структуре, а также благодаря вторичным модификациям указанных структур. Специфическое взаимодействие участка взаимодействия с антигеном с его специфическим антигеном может приводить к простому связыванию указанного участка с антигеном. Более того, альтернативно или дополнительно, специфическое взаимодействие участка взаимодействия с антигеном и его специфического антигена может приводить к инициации сигнала, например, вследствие индукции изменения конформации антигена, олигомеризации антигена, и т.д.

Белки (включая их фрагменты, предпочтительно биологически активные фрагменты, и пептиды, обычно имеющие менее 30 аминокислот) содержат одну или несколько аминокислот, связанных друг с другом через ковалентную пептидную связь (с образованием цепи аминокислот). Термин "полипептид", как используют в рамках изобретения, относится к группе молекул, которые состоят из более чем 30 аминокислот. Полипептиды, кроме того, могут образовывать мультимеры, такие как димеры, тримеры и олигомеры более высокого порядка, т.е. состоящие из более чем одной полипептидной молекулы. Полипептидные молекулы, образующие такие димеры, тримеры и т.д. могут быть идентичными или неидентичными. Соответствующие структуры таких мультимеров более высокого порядка называют, следовательно, гомо- или гетеродимерами, гомо- или гетеротримерами и т.д. Примером гетеромультимера является молекула антитела, которая в ее встречающейся в природе форме состоит из двух идентичных легких полипептидных цепей и двух идентичных тяжелых полипептидных цепей. Термины "полипептид" и "белок" также относятся к модифицированным естественным путем полипептидам/белкам, где модификация осуществляется, например, посредством посттрансляционных модификаций, таких как гликозилирование, ацетилирование, фосфорилирование и т.п. "Полипептид", как описано в настоящем описании, также может быть химически модифицированным, например, пегилированным. Такие модификации хорошо известны в данной области.

"Выделенный", как используют для описания конструкции

антитела, описанной в настоящем описании, означает конструкцию антитела, которая идентифицирована, отделена и/или извлечена из компонента продуцирующей ее окружающей среды. Предпочтительно, выделенная конструкция антитела свободна от ассоциации со всеми другими компонентами и продуцирующей ее окружающей среды. Примеси компонентов продуцирующей ее окружающей среды, такие как примеси из рекомбинантных трансфицированных клеток, представляют собой материалы, которые, как правило, препятствуют диагностическим или терапевтическим применениям полипептида, и они могут включать ферменты, гормоны, и другие белковые или небелковые растворенные вещества. В предпочтительных вариантах осуществления конструкцию антитела очищают (1) до степени, достаточной для получения по меньшей мере 15 остатков N-концевой или внутренней аминокислотной последовательности с использованием секвенатора с вращающимся стаканом, или (2) до гомогенности согласно SDS-PAGE в невосстанавливающих или в восстанавливающих условиях с использованием кумасси синего или, предпочтительно, окрашивания серебром. Однако обычно выделенное антитело получают посредством по меньшей мере одной стадии очистки.

Предусматриваются модификации аминокислотной последовательности конструкций антител, описанных в настоящем описании. Например, может быть желательным повышение аффинности связывания и/или других биологических свойств антитела. Варианты аминокислотной последовательности конструкций антител получают путем внесения соответствующих нуклеотидных замен в нуклеиновые кислоты конструкций антител, или путем пептидного синтеза.

Такие модификации включают, например, делеции из, и/или вставки в, и/или замены остатков в аминокислотных последовательностях конструкций антител. Любую комбинацию делеции, вставки и замены проводят для получения конечной конструкции при условии, что конечная конструкция обладает желаемыми характеристиками. Аминокислотные замены также могут изменять посттрансляционные процессы конструкций антител, такие как изменение числа или положения участков гликозилирования.

Предпочтительно, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 аминокислот могут быть заменены в CDR, в то время как в каркасных областях (FR) могут быть заменены 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 или 25 аминокислот. Замены предпочтительно представляют собой консервативные замены, как описано в настоящем описании. Дополнительно или альтернативно, 1, 2, 3, 4, 5 или 6 аминокислот можно встраивать или удалять в каждой из CDR (безусловно, в зависимости от их длины), в то время как в каждой из FR может быть встроено или удалено 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 или 25 аминокислот.

Пригодный способ идентификации определенных остатков или областей конструкций антитела, которые являются предпочтительными положениями для мутагенеза, называют "аланин-сканирующим мутагенезом", как описано Cunningham and Wells in Science, 244: 1081-1085 (1989). В данном случае, идентифицируют остаток или группу остатков-мишеней в конструкции антитела (например, заряженные остатки, такие как arg, asp, his, lys и glu) и заменяют нейтральной или отрицательной заряженной аминокислотой (наиболее предпочтительно аланином или полиаланином) для обеспечения взаимодействия аминокислот с эпитопом.

Затем положения аминокислот, которые демонстрируют функциональную чувствительность к заменам, уточняют путем внесения дополнительных или других вариантов в или вместо участка замены. Таким образом, в то время как участок для внесения варьирования в аминокислотную последовательность является предварительно определенным, сама по себе природа мутации не должна быть предварительно определенной. Например, для анализа эффективности мутации в данном участке проводят ala-сканирующий мутагенез или случайный мутагенез в кодоне-мишени или в области-мишени, и экспрессируемые варианты конструкций антител подвергают скринингу в отношении желаемой активности.

Предпочтительно, вставки в аминокислотную последовательность включают слияние с N- и/или C-концом

остатков, имеющих длину в диапазоне от 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 остатков до полипептидов, содержащих сто или более остатков, а также вставки внутрь последовательности единичных или множественных аминокислотных остатков. Вариант конструкции антитела со вставкой включает слияние с N-или C-концом антитела фермента или слияние с полипептидом, который увеличивает время полужизни антитела в сыворотке.

Другим типом варианта является вариант с заменой аминокислот. Эти варианты имеют предпочтительно по меньшей мере 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 аминокислотных остатков в конструкции антитела, замененных отличающимся остатком. Представляющие наибольший интерес мутагенеза с заменой участки включают CDR тяжелой и/или легкой цепи, в частности, гипервариабельные области, однако также предусматриваются изменения FR в тяжелой и/или легкой цепи.

Например, если последовательность CDR охватывает 6 аминокислот, предусматривается, что одна, две или три из этих аминокислот являются замещенными. Аналогично, если последовательность CDR охватывает 15 аминокислот, предусматривается, что одна, две, три, четыре, пять или шесть из этих аминокислот являются замещенными.

Как правило, если аминокислоты замещены в одной, или нескольких, или всех из CDR тяжелой и/или легкой цепи, предпочтительно, чтобы полученная затем последовательность "с заменой" была по меньшей мере на 60%, более предпочтительно на 65%, еще более предпочтительно на 70%, особенно предпочтительно на 75%, более конкретно, предпочтительно на 80% идентична "исходной" последовательности CDR. Это означает, что степень идентичности последовательности CDR "с заменой" зависит от длины CDR. Например, CDR, имеющая 5 аминокислот, предпочтительно на 80% идентична последовательности с заменой, чтобы по меньшей мере одна аминокислота была замещена. Таким образом, CDR конструкции антитела могут иметь различные степени идентичности с их замещенными последовательностями, например, CDRL1 может иметь 80%, в то время как CDRL3 может иметь 90%.

Предпочтительные замены (или замещения) представляют собой



консервативные замены. Однако предусматривается любая замена (включая неконсервативную замену или одну или несколько из "иллюстративных замен", приведенных в таблице 1, ниже) при условии, что конструкция антитела сохраняет ее способность связываться с CDH19 через первый связывающий домен и с CD3-эпсилон через второй связывающий домен и/или ее CDR обладают идентичностью с замещенной затем последовательностью (по меньшей мере на 60%, более предпочтительно на 65%, еще более предпочтительно на 70%, в частности предпочтительно на 75%, более конкретно предпочтительно на 80% идентичны "исходной" последовательности CDR).

Консервативные замены представлены в таблице 1 под заголовком "предпочтительные замены". Если такие замены приводят к изменению биологической активности, тогда можно вносить более существенные замены, обозначаемые как "иллюстративные замены" в таблице 1, или как дополнительно описано ниже в отношении классов антител и продукты можно подвергать скринингу в отношении желаемой характеристики.

Таблица 1

## Аминокислотные замены

Исходные	Иллюстративные замены	Предпочтительные замены
Ala (A)	val, leu, ile	val
Arg (R)	lys, gln, asn	lys
Asn (N)	gln, his, asp, lys, arg	gln
Asp (D)	glu, asn	glu
Cys (C)	ser, ala	ser
Gln (Q)	asn, glu	asn
Glu (E)	asp, gln	asp
Gly (G)	ala	ala
His (H)	asn, gln, lys, arg	arg
Ile (I)	leu, val, met, ala, phe	leu
Leu (L)	норлейцин, ile, val, met, ala	ile
Lys (K)	arg, gln, asn	arg
Met (M)	leu, phe, ile	leu

Phe (F)	leu, val, ile, ala, tyr	tyr
Pro (P)	ala	ala
Ser (S)	thr	thr
Thr (T)	ser	ser
Trp (W)	tyr, phe	tyr
Tyr (Y)	trp, phe, thr, ser	phe
Val (V)	ile, leu, met, phe, ala	leu

Существенные модификации биологических свойств конструкции антитела по настоящему изобретению проводят путем выбора замен, которые значительно отличаются их эффектом на поддержание (а) структуры полипептидного остова в области замены, например, в качестве конформации слоя или спирали, (b) заряда или гидрофобности молекулы в участке-мишени, или (с) объема боковой цепи. Встречающиеся в природе остатки подразделяют на группы на основе общих свойств боковой цепи: (1) гидрофобные: норлейцин, met, ala, val, leu, ile; (2) нейтральные гидрофильные: cys, ser, thr; (3) кислотные: asp, glu; (4) основные: asn, gin, his, lys, arg; (5) остатки, которые влияют на ориентацию цепи: gly, pro; и (6) ароматические: trp, tyr, phe.

Неконсервативные замены охватывают замену представителем одного из этих классов представителя другого класса. Любой остаток цистеина, не вовлеченный в поддержание надлежащей конформации конструкции антитела, может быть замещен, как правило, серином для повышения окислительной стабильности молекулы и предотвращения аберрантного сшивания. Напротив, к антителу может быть добавлена цистеиновая связь (и) для повышения его стабильности (в частности, где антитело представляет собой фрагмент антитела, такой как Fv-фрагмент).

Особенно предпочтительный тип варианта с заменой вовлекает замену одного или нескольких остатков гипервариабельной области родительского антитела (например, гуманизированное антитело или антитело человека). Как правило, полученный вариант (ы), отобранный для дальнейшей разработки, имеет улучшенные биологические свойства относительно родительского антитела, из которого они получены. Удобный способ получения таких вариантов с заменой вовлекает созревание аффинности с использованием

фагового дисплея. В кратком изложении, вносят мутации в несколько участков гипервариабельной области (например 6–7 участков) для получения всех возможных аминокислотных замен в каждом участке. Полученные таким образом варианты антител экспонируют одновалентным образом из частиц нитчатых фагов в качестве слитых конструкций с продуктом гена III M13, упакованных в каждую частицу. Затем экспонированные на фаге варианты подвергают скринингу в отношении их биологической активности (например, аффинность связывания), как описано в настоящем описании. Для идентификации участков гипервариабельной области, являющихся кандидатами для модификации, можно проводить аланин-сканирующий мутагенез, чтобы идентифицировать остатки гипервариабельной области, вносящие значительный вклад в связывание антигена. Альтернативно или дополнительно, может быть полезным анализ кристаллической структуры комплекса антиген-антитело для идентификации точек контакта между связывающим доменом и, например, CDH19 человека. Такие контактные остатки и соседние остатки являются кандидатами для замены в соответствии со способами, описанными в настоящем описании. После получения таких вариантов панель вариантов подвергают скринингу, как описано в настоящем описании, и антитела с лучшими свойствами в одном или нескольких соответствующих анализах можно выбирать для дальнейшей разработки.

В настоящем описании предусматриваются другие модификации конструкций антител. Например, конструкция антитела может быть связана с одним из различных небелковых полимеров, например, полиэтиленгликолем, полипропиленгликолем, полиоксиалкиленами или сополимерами полиэтиленгликоля и полипропиленгликоля. Конструкция антитела также может быть заключена в микрокапсулы, полученные, например, способами коацервации или межповерхностной полимеризации (например, микрокапсулы на основе гидроксиметилцеллюлозы или желатина и микрокапсулы на основе поли(метилметакрилата), соответственно), в коллоидных системах для доставки лекарственных средств (например, липосомы, микросферы на основе альбумина, микроэмульсии,

наночастицы и нанокапсулы), или в макроэмульсиях. Такие способы описаны в Remington's Pharmaceutical Sciences, 16th edition, Gennaro, A.R., Ed., (1980).

Конструкции антител, описанные в настоящем описании, также можно изготавливать в виде иммунолипосом. "Липосома" представляет собой небольшую везикулу, состоящую из различных типов липидов, фосфолипидов и/или поверхностно-активных веществ, которые пригодны для доставки лекарственного средства млекопитающему. Компоненты липосомы обычно организованы в виде двухслойного образования, аналогично организации липидов в биологических мембранах. Липосомы, содержащие антитело, получают способами, известными в данной области, такими как описано в Epstein et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82:3688 (1985); Hwang et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77: 4030 (1980); патентах США No. 4485045 и 4544545 и WO 97/38731, опубликованной 23 октября 1997 года. Липосомы с увеличенным временем циркуляции описаны в патенте США № 5013556. Особенно пригодные липосомы можно получать способом обращено-фазового выпаривания с липидной композицией, содержащей фосфатидилхолин, холестерин и производное фосфатидилэтаноламина с PEG (PEG-PE). Липосомы экстрадируют через фильтры с определенным размером пор с получением липосомы с требуемым диаметром. Fab'-фрагменты антитела по настоящему изобретению можно конъюгировать с липосомами, как описано в Martin et al., J. Biol. Chem. 257:286-288 (1982) посредством реакции дисульфидного обмена. В липосоме необязательно содержится химиотерапевтическое средство. См. Gabizon et al., J. National Cancer Inst. 81(19): 1484 (1989).

При использовании рекомбинантных способов конструкция антитела может продуцироваться внутриклеточно, в периплазматическом пространстве или непосредственно секретироваться в среду. Если такие молекулы продуцируются внутриклеточно, на первой стадии, дебрис в виде частиц либо клеток-хозяев, либо лизированных фрагментов, удаляют, например, посредством центрифугирования или ультрафильтрации. В Carter et al., Bio/Technology 10: 163-167 (1992) описана методика

выделения антител, которые секретируются в периплазматическое пространство *E. coli*.

Композицию конструкции антитела, полученную из клеток, можно очищать с использованием, например, хроматографии с гидроксипатитом, гель-электрофореза, диализа и аффинной хроматографии, причем аффинная хроматография является предпочтительным способом очистки.

Термин "нуклеиновая кислота" хорошо известен специалисту в данной области, и он охватывает ДНК (такую как кДНК) и РНК (такую как мРНК). Нуклеиновая кислота может быть двухцепочечной и одноцепочечной, линейной и кольцевой. Указанная молекула нуклеиновой кислоты предпочтительно содержится в векторе, который предпочтительно содержится в клетке-хозяине. Указанная клетка-хозяин, например, после трансформации или трансфекции последовательностью нуклеиновой кислоты по изобретению, способна экспрессировать конструкцию антитела. Для этой цели молекулу нуклеиновой кислоты функционально связывают с последовательностями контроля.

Вектор представляет собой молекулу нуклеиновой кислоты, используемую в качестве носителя для переноса (чужеродного) генетического материала в клетку. Термин "вектор" охватывает – но не ограничивается ими – плазмиды, вирусы, космиды и искусственные хромосомы. Как правило, сконструированные векторы содержат орижин репликации, участок множественного клонирования и селективный маркер. Вектор сам по себе, как правило, представляет собой нуклеотидную последовательность, обычно последовательность ДНК, которая содержит вставку (трансен) и более крупную последовательность, которая служит в качестве "каркаса" вектора. Современные векторы могут охватывать дополнительные признаки, помимо вставки трансгена и каркаса: промотор, генетический маркер, ген устойчивости к антибиотику, репортерный ген, нацеливающую последовательность, метку для очистки белка. Векторы, называемые экспрессирующими векторами (экспрессирующие конструкции), в частности, предназначены для экспрессии трансгена в клетке-мишени и, как правило, они имеют последовательности контроля, такие как

промоторная последовательность, которая запускает экспрессию трансгена. Встраивание вектора в клетку-мишень обычно называют "трансформацией" для бактерий, "трансфекцией" для эукариотических клеток, хотя встраивание вирусного вектора также называют "трансдукцией".

Как используют в рамках изобретения, термин "клетка-хозяин" относится к клетке, в которую внесена нуклеиновая кислота, кодирующая конструкцию антитела по изобретению, посредством трансформации, трансфекции и т.п. Следует понимать, что такие термины относятся только к конкретной рассматриваемой клетке, но не к потомству или потенциальному потомству такой клетки. Поскольку определенные модификации могут встречаться в последующих поколениях вследствие либо мутации, либо влияний окружающей среды, такое потомство, в действительности, может не быть идентичным родительской клетке, но, тем не менее, может быть включено в объем термина, как используют в рамках изобретения.

Как используют в рамках изобретения, термин "экспрессия" включает любую стадию, вовлеченную в продукцию конструкции антитела по изобретению, включая, но не ограничиваясь ими, транскрипцию, посттранскрипционную модификацию, трансляцию, посттрансляционную модификацию и секрецию.

Термин "последовательности контроля" относится к последовательностям ДНК, необходимым для экспрессии функционально связанной кодирующей последовательности в конкретном организме-хозяине. Последовательности контроля, которые являются пригодными для прокариот, например, включают промотор, необязательно последовательность оператора и участок связывания рибосом. Известно, что эукариотические клетки используют промоторы, сигналы полиаденилирования и энхансеры.

Нуклеиновая кислота является "функционально связанной", когда находится в функциональной связи с другой последовательностью нуклеиновой кислоты. Например, ДНК для препоследовательности или секреторной лидерной последовательности функционально связана с ДНК полипептида, если она экспрессируется в качестве пребелка, который участвует

в секрети полипептида; промотор или энхансер функционально связан с кодирующей последовательностью, если он влияет на транскрипцию последовательности; или участок связывания рибосом функционально связан с кодирующей последовательностью, если он расположен так, чтобы облегчить трансляцию. Как правило, "функционально связанный" означает, что связываемые последовательности ДНК являются соседними и, в случае секреторной лидерной последовательности, соседними и находящимися в рамке считывания. Однако энхансеры не должны быть соседними. Связывание проводят путем лигирования в подходящих участках рестрикции. Если такие участки не существуют, используют синтетические олигонуклеотидные адаптеры или линкеры в соответствии с общепринятой практикой.

Термины "клетка-хозяин", "клетка-мишень" или "реципиентная клетка" включают любую индивидуальную клетку или клеточную культуру, которые могут быть или является/являются реципиентом для векторов или включения экзогенных молекул нуклеиновой кислоты полинуклеотидов и/или белков. Также подразумевается, что они включают потомство единичной клетки и потомство может не быть полностью идентичным (по морфологии или геномному или общему набору ДНК) исходной родительской клетке вследствие природной, случайной или намеренной мутации. Клетки могут быть прокариотическими или эукариотическими и включают, но не ограничиваются ими, бактерии, дрожжевые клетки, клетки животных и клетки млекопитающих, например, мышь, крысу, макака или человека.

Пригодные клетки-хозяева включают прокариот и эукариотических клеток-хозяев, включая дрожжи, грибы, клетки насекомых и клетки млекопитающих.

Конструкцию антитела по изобретению можно продуцировать в бактериях. После экспрессии конструкции антитела по изобретению предпочтительно конструкцию антитела выделяют из клеточной массы *E. coli* в растворимой фракции, и ее можно очищать, например, аффинной хроматографией и/или эксклюзионной хроматографией. Конечную очистку можно проводить аналогично способу очистки антитела, экспрессированного, например, в

клетках СНО.

В дополнение к прокариотам, эукариотические микроорганизмы, такие как нитчатые грибы или дрожжи, являются пригодными хозяевами для клонирования или экспрессии конструкции антитела по изобретению. *Saccharomyces cerevisiae* или обычные пекарские дрожжи наиболее часто используются среди низших эукариотических микроорганизмов-хозяев. Однако широко доступен и пригоден в рамках настоящего изобретения ряд других родов, видов и штаммов, таких как *Schizosaccharomyces pombe*, хозяева *Kluveromyces*, например, такие как *K. lactis*, *K. fragilis* (ATCC 12424), *K. bulgaricus* (ATCC 16045), *K. wickerhamii* (ATCC 24178), *K. waltii* (ATCC 56500), *K. drosophilorum* (ATCC 36906), *K. thermotolerans*, и *K. marxianus*; *Yarrowia* (EP 402 226); *Pichia pastoris* (EP 183 070); *Candida*; *Trichoderma reesia* (EP 244 234); *Neurospora crassa*; *Schwanniomyces*, такие как *Schwanniomyces occidentalis*; и нитчатые грибы, например, такие как хозяева *Neurospora*, *Penicillium*, *Tolyposcladium* и *Aspergillus*, такие как *A. nidulans* и *A. niger*.

Пригодные клетки-хозяева для экспрессии гликозилированной конструкции антитела по изобретению, предпочтительно происходящих из антител конструкций антител, происходят из многоклеточных организмов. Примеры клеток беспозвоночных включают клетки растений и клетки насекомых. Были идентифицированы многочисленные штаммы и варианты бакуловирусов и соответствующие перmissive клетки-хозяева насекомых из хозяев, таких как *Spodoptera frugiperda* (гусеница), *Aedes aegypti* (москит), *Aedes albopictus* (москит), *Drosophila melanogaster* (плодовая мушка) и *Bombyx mori*. Различные вирусные штаммы для трансфекции являются общедоступными, например, вариант L-1 *Autographa californica* NPV и штамм Bm-5 *Bombyx mori* NPV, и такие вирусы могут быть использованы в качестве вируса в соответствии с настоящим изобретением, в частности, для трансфекции клеток *Spodoptera frugiperda*.

Также в качестве хозяев можно использовать культуры клеток растений хлопка, кукурузы, картофеля, сои, петунии, томата,



арабидопсиса и табака. Клонированные и экспрессирующие векторы, пригодные для продуцирования белков в культуре клеток растений, известны специалистам в данной области. См. например, Hiatt *et al.*, *Nature* (1989) 342: 76-78, Owen *et al.* (1992) *Bio/Technology* 10: 790-794, Artsaenko *et al.* (1995) *The Plant J* 8: 745-750, и Fecker *et al.* (1996) *Plant Mol Biol* 32: 979-986.

Однако наибольший интерес представляют клетки позвоночных и размножение клеток позвоночных в культуре (культуре тканей) стало стандартной методикой. Примерами пригодных линий клеток-хозяев являются линия почки обезьяны CV1, трансформированная SV40 (COS-7, ATCC CRL 1651); линия почки эмбриона человека (клетки 293 или клетки 293, субклонированные для роста в суспензионной культуре, Graham *et al.*, *J. Gen Virol.* 36 : 59 (1977)); клетки почки детеныша хомяка (BHK, ATCC CCL 10); клетки яичника китайского хомяка/-DHFR (CHO, Urlaub *et al.* , *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 77: 4216 (1980)); клетки Сертоли мышши (TM4, Mather, *Biol. Reprod.* 23: 243-251 (1980)); клетки почки обезьяны (CV1 ATCC CCL 70); клетки почки африканской зеленой мартышки (VERO-76, ATCC CRL1587); клетки карциномы шейки матки человека (HELA, ATCC CCL 2); клетки почки собаки (MDCK, ATCC CCL 34); клетки печени крыс buffalo (BRL 3A, ATCC CRL 1442); клетки легкого человека (W138, ATCC CCL 75); клетки печени человека (Hep G2, 1413 8065); опухоль молочной железы мышши (MMT 060562, ATCC CCL5 1); клетки TRI (Mather *et al.*, *Annals N. Y Acad. Sci.* 383 : 44-68 (1982)); клетки MRC 5; клетки FS4; и линия гепатомы человека (Hep G2).

При использовании рекомбинантных способов конструкция антитела по изобретению может продуцироваться внутриклеточно, в периплазматическое пространство или может прямо секретироваться в среду. Если конструкция антитела продуцируется внутриклеточно, на первой стадии дебрис в виде частиц либо клеток-хозяев, либо лизированных фрагментов, удаляют, например, посредством центрифугирования или ультрафильтрации. В Carter *et al.*, *Bio/Technology* 10:163-167 (1992) описан способ выделения антител, которые секретируются в периплазматическое пространство *E. coli*. В кратком изложении, клеточную массу

размораживают в присутствии ацетата натрия (рН 3,5), EDTA и фенилметилсульфонилфторида (PMSF) в течение приблизительно 30 мин. Клеточный дебрис можно удалять центрифугированием. Когда антитело секретируется в среду, супернатанты из таких экспрессирующих систем, как правило, сначала концентрируют с использованием коммерчески доступного фильтра для концентрирования полипептида, например, элемента для ультрафильтрации Amicon или Millipore Pellicon. На любой из предшествующих стадий можно включать ингибитор протеаз, такой как PMSF, для ингибирования протеолиза, и для предотвращения роста ненужных контаминирующих организмов можно добавлять антибиотики.

Конструкцию антитела по изобретению, полученную из клеток-хозяев, можно очищать с использованием, например, хроматографии с гидроксилпатитом, гель-электрофореза, диализа и аффинной хроматографии, причем аффинная хроматография является предпочтительным способом очистки.

Наиболее часто, матрица, с которой связывают аффинный лиганд, представляет собой агарозу, однако доступны другие матрицы. Механически стабильные матрицы, такие как стекло с контролируемым размером пор или поли(стиролдивинил)бензол, обеспечивает более высокие скорости потока и более короткое время обработки, чем время, которое может быть достигнуто с помощью агарозы. Когда конструкция антитела по изобретению содержит СН<sub>3</sub>-домен, для очистки пригоден Bakerbond ABXMrasin (J. T. Baker, Phillipsburg, NJ). Также доступны другие способы очистки белка, такие как фракционирование на ионообменной колонке, осаждение с этанолом, обращено-фазовая ВЭЖХ, хроматография на диоксиде кремния, хроматография на heparin-SEPHAROSE™, хроматография на анионо- или катионообменной смоле (такая как колонка с полиаспарагиновой кислотой), хроматофоксирование, SDS-PAGE и осаждение сульфатом аммония, в зависимости от антитела, подлежащего выделению.

Термин "культивирование" относится к поддержанию, дифференцировке, росту, пролиферации и/или размножению *in vitro* клеток в среде в подходящих условиях.

Как используют в рамках изобретения, термин "фармацевтическая композиция" относится к композиции для введения пациенту, предпочтительно пациенту-человеку. Конкретная предпочтительная фармацевтическая композиция по настоящему изобретению содержит конструкцию антитела по изобретению. Предпочтительно, фармацевтическая композиция содержит пригодные составы носителей, стабилизаторов и/или эксципиентов. В предпочтительном варианте осуществления фармацевтическая композиция содержит композицию для парентерального, трансдермального, внутрипросветного, внутриартериального, интратекального и/или интраназального введения или для прямой инъекции в ткань. В частности, предусматривается, что указанную композицию вводят пациенту посредством инфузии или инъекции. Введение подходящих композиций может быть осуществлено различными путями, например, посредством внутривенного, внутрибрюшинного, подкожного, внутримышечного, местного или внутрикожного введения. В частности, настоящее изобретение относится непрерывному введению подходящей композиции. В качестве неограничивающего примера, непрерывное, т.е. постоянное введение может быть осуществлено с помощью небольшой насосной системы, которую носит пациент, для отмеривания вводимого лекарственного средства в организм пациента. Фармацевтическую композицию, содержащую конструкцию антитела по изобретению, можно вводить с использованием указанных насосных систем. Такие насосные системы, как правило, известны в данной области, и часто в основе их действия лежит периодическая замена кассет, содержащих лекарственное средство, подлежащее инфузии. При замене кассеты в такой насосной системе может происходить временное прерывание в ином случае непрерывного потока лекарственного средства в организм пациента. В таком случае фазу введения перед заменой кассеты и фазу введения после замены кассеты, тем не менее, следует рассматривать в пределах значения фармацевтических средств и способов по изобретению, как вместе составляющие одно "непрерывное введение" такого лекарственного средства.

Постоянное или непрерывное введение этих конструкций антител по изобретению может быть внутривенным или подкожным с помощью устройства для доставки жидкостей или небольшой насосной системы, включающей механизм подачи жидкости для подачи жидкости из резервуара и механизм приведения в действие для запуска механизма подачи. Насосные системы для подкожного введения могут включать иглу или канюлю для проникновения через кожу пациента и доставки подходящей композиции в организм пациента. Указанные насосные системы могут быть непосредственно фиксированы или прикреплены к коже пациента независимо от вены, артерии или кровеносного сосуда, тем самым обеспечивая прямой контакт между насосной системой и кожей пациента. Насосная система может быть прикреплена к коже пациента в течение от 24 часов до нескольких суток. Насосная система может иметь небольшой размер с резервуаром для малых объемов. В качестве неограничивающего примера, объем резервуара для подходящей фармацевтической композиции для введения может составлять от 0,1 до 50 мл.

Непрерывное введение может быть трансдермальным посредством пластыря, носимого на коже и заменяемого с интервалами. Специалисту в данной области известны системы пластырей для доставки лекарственного средства, пригодные для этой цели. Следует отметить, что трансдермальное введение особенно пригодно для непрерывного введения, поскольку замену первого использованного пластыря можно преимущественно проводить одновременно с помещением нового второго пластыря, например, на поверхности кожи непосредственно рядом с первым использованным пластырем и непосредственно перед удалением первого использованного пластыря. Проблемы прерывания потока или отказа пускового элемента не возникают.

Композиции по изобретению, кроме того, могут содержать фармацевтически приемлемый носитель. Примеры пригодных фармацевтических носителей хорошо известны в данной области и включают растворы, например, фосфатно-солевые буферы, воду, эмульсии, такие как эмульсии типа "масло/вода", различные типы смачивающих веществ, стерильных лосьонов, липосом и т.д.

Композиции, содержащие такие носители, можно составлять хорошо известными общепринятыми способами. Составы могут содержать углеводы, буферные растворы, аминокислоты и/или поверхностно-активные вещества. Углеводы могут представлять собой невосстанавливающие сахара, предпочтительно трегалозу, сахарозу, октасульфат, сорбит или ксилит. Как правило, как используют в рамках изобретения, "фармацевтически приемлемый носитель" означает любые и все растворители, дисперсионные среды, покрытия, антибактериальные и противогрибковые средства, обеспечивающие изотоничность и замедляющие всасывание средства, совместимые с фармацевтическим введением. Применение таких сред и средств для фармацевтически активных веществ хорошо известно в данной области. Приемлемые носители, эксципиенты или стабилизаторы являются нетоксичными для реципиентов в используемых дозировках и концентрациях, и они включают: дополнительные буферные средства; консерванты; соразтворители; антиоксиданты, включающие аскорбиновую кислоту и метионин; хелатирующие агенты, такие как EDTA; комплексы металлов (например, комплексы Zn-белок); биodeградируемые полимеры, такие как полиэфиры; солеобразующие противоионы, такие как натрий, многоатомные спирты сахаров; аминокислоты, такие как аланин, глицин, аспарагин, 2-фенилаланин и треонин; сахара или спирты сахаров, такие как трегалоза, сахароза, октасульфат, сорбит или ксилит, стахиоза, манноза, сорбоза, ксилоза, рибоза, миоинозитола, галактоза, лактит, рибит, миоинозитол, галактит, глицерин, циклитолы (например, инозитол), полиэтиленгликоль; содержащие серу восстановители, такие как глутатион, тиоктовая кислота, тиогликолят натрия, тиоглицерин, [альфа]-монотиоглицерин и тиосульфат натрия; низкомолекулярные белки, такие как сывороточный альбумин человека, бычий сывороточный альбумин, желатин или другие иммуноглобулины; и гидрофильные полимеры, такие как поливинилпирролидон. Такие составы можно использовать для непрерывного введения, которое может быть внутривенным или подкожным, или может осуществляться с насосными системами и/или без них. Аминокислоты могут представлять собой заряженные аминокислоты, предпочтительно

лизин, ацетат лизина, аргинин, глутамат и/или гистидин. Поверхностно-активные вещества могут представлять собой детергенты, предпочтительно с молекулярной массой  $>1,2$  кДа и/или простой полиэфир, предпочтительно с молекулярной массой  $>3$  кДа. Неограничивающими примерами предпочтительных детергентов являются Tween 20, Tween 40, Tween 60, Tween 80 или Tween 85. Неограничивающими примерами предпочтительных простых полиэфиров являются PEG 3000, PEG 3350, PEG 4000 или PEG 5000. Буферные системы, используемые в рамках настоящего изобретения, могут иметь предпочтительное значение pH 5-9 и могут содержать цитрат, сукцинат, фосфат, гистидин и ацетат.

Композиции по настоящему изобретению можно вводить индивидууму в подходящей дозе, которую можно определять, например, с помощью исследований с увеличением дозы путем введения возрастающих доз полипептида по изобретению, проявляющего перекрестно-видовую специфичность, как описано в настоящем описании, не являющимся шимпанзе приматам, например макакам. Как указано выше, конструкцию антитела по изобретению, проявляющую перекрестно-видовую специфичность, описанную в настоящем описании, можно преимущественно использовать в идентичной форме в доклинических испытаниях у не являющихся шимпанзе приматов и в качестве лекарственного средства у человека. Эти композиции также можно вводить в комбинации с другими белковыми и небелковыми лекарственными средствами. Эти лекарственные средства можно вводить одновременно с композицией, содержащей полипептид по изобретению, как определено в настоящем описании, или отдельно до или после введения указанного полипептида с определенными временными интервалами и дозами. Режим дозирования будет определять лечащий врач с учетом клинических факторов. Как хорошо известно в области медицины, дозировки для любого пациента зависят от множества факторов, включая размеры пациента, площадь поверхности тела, возраст, конкретное вводимое соединение, пол, время и путь введения, общее состояние здоровья и другие лекарственные средства, вводимые одновременно.

Препараты для парентерального введения включают стерильные

водные или неводные растворы, суспензии и эмульсии. Примерами неводных растворителей являются пропиленгликоль, полиэтиленгликоль, растительные масла, такие как оливковое масло, и инъеклируемые органические сложные эфиры, такие как этилолеат. Водные носители включают воду, спиртовые/водные растворы, эмульсии или суспензии, включая солевой раствор и буферные среды. Парентеральные носители включают раствор хлорида натрия, раствор декстрозы Рингера, раствор декстрозы и хлорида натрия, лактатный раствор Рингера или жирные масла. Внутривенные носители включают средства для восполнения жидкости и питательных веществ, средства для восполнения электролитов (такие как средства на основе раствора декстрозы Рингера) и т.п. Также могут присутствовать консерванты и другие добавки, например, такие как противомикробные средства, антиоксиданты, хелатирующие агенты, инертные газы и т.п. Кроме того, композиция по настоящему изобретению может содержать белковые носители, например, такие как сывороточный альбумин или иммуноглобулин, предпочтительно, происходящие из человека. Предусматривается, что композиция по изобретению может содержать, в дополнение к полипептиду по изобретению, определенному в настоящем описании, дополнительные биологически активные средства, в зависимости от предполагаемого применения композиции. Такие средства могут представлять собой лекарственные средства, действующие на желудочно-кишечную систему, лекарственные средства, действующие в качестве цитостатических средств, лекарственные средства, предотвращающие гиперурикемию, лекарственные средства, ингибирующие иммунные реакции (например, кортикостероиды), лекарственные средства, модулирующие воспалительный ответ, лекарственные средства, действующие на кровеносную систему, и/или средства, такие как цитокины, известные в данной области. Также предусматривается использование конструкции антитела по настоящему изобретению в совместной терапии, т.е. в комбинации с другим лекарственным средством против злокачественной опухоли.

Биологическую активность фармацевтической композиции,

определенной в настоящем описании, можно определять, например, с помощью анализов цитотоксичности, как описано в представленных ниже примерах, в WO 99/54440 или Schlereth *et al.* (Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12). "Эффективность" или "эффективность *in vivo*", как используют в рамках изобретения относится к ответу на терапию фармацевтической композицией по изобретению с использованием, например, стандартизированных критериев ответа NCI. Успех или эффективность *in vivo* терапии с использованием фармацевтической композиции по изобретению относится к эффективности композиции для предполагаемой цели, т.е. к способности композиции вызывать ее желаемый эффект, т.е. истощение патогенных клеток, например, опухолевых клеток. Мониторинг эффективности *in vivo* можно проводить общепринятыми стандартными способами для соответствующих заболеваний, включая, но не ограничиваясь ими, лейкоцитарную формулу, активированную флуоресценцией сортировку клеток, аспирирование костного мозга. Кроме того, можно использовать различные специфические для заболеваний параметры клинической химии и другие общепринятые стандартные способы. Более того, можно использовать компьютерную томографию, рентген, томографию ядерного магнитного резонанса (например, для оценки ответа на основе критериев National Cancer Institute [Cheson BD, Horning SJ, Coiffier B, Shipp MA, Fisher RI, Connors JM, Lister TA, Vose J, Grillo-Lopez A, Hagenbeek A, Cabanillas F, Klippensten D, Hiddemann W, Castellino R, Harris NL, Armitage JO, Carter W, Hoppe R, Canellos GP. Report of an international workshop to standardize response criteria for non-Hodgkin lymphomas. NCI Sponsored International Working Group. J Clin Oncol. 1999 Apr;17(4):1244]), сканирование с использованием позитронно-эмиссионной томографии, лейкоцитарную формулу, активированную флуоресценцией сортировку клеток, аспирирование костного мозга, биопсию/гистологию лимфатических узлов и различные специфические для лимфомы параметры клинической химии (например, лактатдегидрогеназа) и другие общепризнанные стандартные способы.

Другой значительной задачей при разработке лекарственных



средств, таких как фармацевтическая композиция по изобретению, является прогнозируемое модулирование фармакокинетических свойств. Для этого можно определять фармакокинетический профиль лекарственного средства-кандидата, т.е. профиль фармакокинетических параметров, которые влияют на способность конкретного лекарственного средства лечить данное состояние. Фармакокинетические параметры лекарственного средства, влияющие на способность лекарственного средства лечить определенные заболевания, включают, но не ограничиваются ими: время полужизни, объем распределения, метаболизм первого прохождения через печень и степень связывания в сыворотке крови. На эффективность данного лекарственного средства может влиять каждый из упомянутых выше параметров.

"Время полужизни" означает время, когда 50% введенного лекарственного средства элиминируется посредством биологических процессов, например метаболизма, экскреции и т.д.

Под "метаболизмом первого прохождения через печень" подразумевают подверженность лекарственного средства метаболизму при первом контакте с печенью, т.е. во время первого прохождения через печень.

"Объем распределения" означает степень удержания лекарственного средства в различных частях организма, например, внутриклеточных и внеклеточных пространствах, тканях и органах и т.д. и распределение лекарственного средства в этих частях организма.

"Степень связывания в сыворотке крови" означает склонность лекарственного средства к взаимодействию и связыванию с сывороточными белками, такими как альбумин, приводящую к снижению или утрате биологической активности лекарственного средства.

Фармакокинетические параметры также включают биодоступность, латентный период ( $T_{lag}$ ),  $T_{max}$ , скорость всасывания, более того, начальную концентрацию и/или  $C_{max}$  для данного введенного количества лекарственного средства. "Биодоступность" означает количество лекарственного средства в крови. "Латентный период" означает временную задержку между

введением лекарственного средства и его обнаружением и возможностью измерения в крови или плазме.

"T<sub>max</sub>" представляет собой время, после которого достигается максимальная концентрация лекарственного средства в крови, и "C<sub>max</sub>" представляет собой максимальную достигаемую концентрацию данного лекарственного средства в крови. На время до достижения концентрации лекарственного средства в крови или ткани, которое требуется для его биологического эффекта, влияют все параметры. Фармакокинетические параметры биспецифических одноцепочечных антител, проявляющих перекрестно-видовую специфичность, которая может быть определена в доклиническом исследовании животных у не являющихся шимпанзе приматов, как описано выше, указаны, например, в публикации Schlereth *et al.* (Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12).

Термин "токсичность", как используют в рамках изобретения, относится к токсическим эффектам лекарственного средства, проявляющимся неблагоприятными явлениями или тяжелыми неблагоприятными явлениями. Эти побочные явления могут относиться к отсутствию переносимости лекарственного средства в общем и/или отсутствию локальной переносимости после введения. Токсичность также может включать тератогенные или канцерогенные эффекты, вызываемые лекарственным средством.

Термины "безопасность", "безопасность *in vivo*" или "переносимость", как используют в рамках изобретения, определяют введение лекарственного средства без индукции тяжелых неблагоприятных эффектов непосредственно после введения (местная переносимость) и в ходе более длительного периода применения лекарственного средства. "Безопасность", "безопасность *in vivo*" или "переносимость" можно оценивать, например с регулярными интервалами в ходе лечения и периода наблюдения. Изменения включают клиническую оценку, например, органные проявления и скрининг лабораторных нарушений. Клиническую оценку можно проводить и отклонения от нормальных данных регистрировать/кодировать в соответствии со стандартами NCI-CTC и/или MedDRA. Органные проявления могут включать такие критерии, как аллергия/иммунология, кровь/костный мозг,

сердечная аритмия, коагуляция и т.п., как указано, например, в критериях Common Terminology Criteria for adverse events v3.0 (СТСАЕ). Лабораторные параметры, которые можно исследовать, включают, например, гематологию, клиническую химию, профиль свертываемости и анализ мочи, и исследование других жидкостей организма, таких как сыворотка, плазма, лимфоидная или спинномозговая жидкость, ликвор и т.п. Таким образом, безопасность можно оценивать, путем физикального обследования, способов визуализации (т.е. ультразвук, рентген, СТ-сканирование, магнитно-резонансная томография (MRI), другие измерения с помощью технических устройств (т.е. электрокардиограмма), основные показатели жизнедеятельности), путем измерения лабораторных параметров и регистрации неблагоприятных явлений. Например, неблагоприятные явления у не являющихся шимпанзе приматов в применениях и способах по изобретению можно исследовать гистопатологическими и/или гистохимическими способами.

Термин "эффективная доза" или "эффективная дозировка" определяют как количество, достаточное для достижения или по меньшей мере частичного достижения желаемого эффекта. Термин "терапевтически эффективная доза" определяют как количество, достаточное для излечения или по меньшей мере частичной остановки заболевания и его осложнений у пациента, уже страдающего заболеванием. Количества, эффективные для этого применения, зависят от тяжести инфекции и общего состояния собственной иммунной системы индивидуума. Термин "пациент" включает человека и других млекопитающих, которым проводят либо профилактическое, либо терапевтическое лечение.

Термин "эффективная и нетоксичная доза", как используют в рамках изобретения, относится к переносимой дозе конструкции антитела по изобретению, которая является достаточно высокой для обеспечения истощения патогенных клеток, элиминации опухоли, уменьшения размеров опухоли или стабилизации заболевания без или по существу без значительных токсических эффектов. Такие эффективные и нетоксичные дозы можно определять, например, в исследованиях с увеличением дозы,

описанных в данной области, и они должны быть ниже дозы, индуцирующей тяжелые неблагоприятные побочные явления (лимитирующая доза токсичность, DLT).

Описанные выше термины также представлены, например, в Preclinical safety evaluation of biotechnology-derived pharmaceuticals S6; ICH Harmonised Tripartite Guideline; ICH Steering Committee meeting on July 16, 1997.

Соответствующая дозировка или терапевтически эффективное количество конструкции антитела по изобретению зависят от состояния, подвергаемого лечению, тяжести состояния, предшествующей терапии и клинического анамнеза пациента и ответа на лекарственное средство. Предшествующую дозу можно корректировать в соответствии с решением лечащего врача, так что ее можно вводить пациенту один раз или на протяжении серии введений. Фармацевтическую композицию можно вводить в качестве единственного терапевтического средства или в комбинации с дополнительными способами терапии, такими как способы терапии злокачественной опухоли, при необходимости.

Фармацевтические композиции по настоящему изобретению являются особенно пригодными для парентерального введения, т.е. подкожно, внутримышечно, внутривенно, внутрисуставным путем и/или внутрисиновиальным путем. Парентеральное введение может осуществляться путем болюсной инъекции или непрерывной инфузии.

Если фармацевтическая композиция является лиофилизированной, лиофилизированный остаток сначала разбавляют в подходящей жидкости перед введением. Лيوфилизированный материал можно разбавлять, например, в бактериостатической воде для инъекций (BWFI), физиологическом солевом растворе, фосфатно-солевом буфере (PBS) или том же составе, в котором белок находился перед лиофилизацией.

Во внутреннем анализе собственных данных экспрессии мРНК неожиданно было обнаружено, что экспрессия CDH19 является повышенной как в первичных, так и в метастазирующих опухолях меланомы по сравнению с нормальными нетрансформированными тканями. Внутренний анализ также подтвердил, что экспрессия CDH19 в нормальных тканях ограничивается происходящими из

нервного гребня ганглиями периферического нерва и нервными волокнами. Дифференциальная экспрессия CDH19 в нормальных и опухолевых тканях делает этот белок привлекательным для нацеливания на клеточную поверхность лекарственных средств. Хотя CDH19 рассматривался в качестве одного маркера среди длинного перечня маркеров, ассоциированных с некоторыми типами злокачественной опухоли (см., например, WO2009/055937) или болезнью Паркинсона (см. например WO2005/067391), CDH19 никогда не рассматривался в качестве прогностического маркера или мишени лекарственного средства применительно к опухолям меланомы.

Как указано выше, настоящее изобретение относится выделенной полиспецифической конструкции антитела, содержащей первый связывающий домен человека, способный связываться с CDH19 человека на поверхности клетки-мишени, и второй домен, способный связываться с CD3 человека на поверхности Т-клетки.

"Внеклеточный домен CDH19" или "ECD CDH19" относится к форме CDH19, которая по существу свободна от трансмембранного и цитоплазматического доменов CDH19. Специалисту в данной области будет понятно, что трансмембранный домен, идентифицированный для полипептида CDH19 по настоящему изобретению, идентифицирован в соответствии с критериями, обычно используемыми в данной области для идентификации этого типа гидрофобного домена. Точные границы трансмембранного домена могут варьировать, однако наиболее вероятно, не более чем приблизительно на 5 аминокислот на любом конце домена, конкретно упомянутого в настоящем описании. Предпочтительный ECD CDH19 человека представлен в SEQ ID NO: 948. В этом контексте понятно, что ECD CDH19 представляет собой часть CDH19 на поверхности клетки-мишени.

Комплекс Т-клеточного рецептора с CD3 представляет собой белковый комплекс, и он состоит из четырех отдельных цепей. У млекопитающих комплекс содержит цепь CD3 $\gamma$ , цепь CD3 $\delta$  и две цепи CD3 $\epsilon$  (эпсилон). Эти цепи ассоциируют с молекулой, известной как Т-клеточный рецептор (TCR) и  $\zeta$ -цепь, генерируя сигнал активации в Т-лимфоцитах.

Перенаправленный лизис клеток-мишеней посредством привлечения Т-клеток мультиспецифической, по меньшей мере биспецифической, конструкцией антитела вовлекает образование цитолитических синапсов и доставку перфорина и гранзимов. Привлеченные Т-клетки способны к последовательному лизису клеток-мишеней и на них не влияют механизмы иммунного ускользания, препятствующие процессингу и презентации пептидного антигена или клональной дифференцировке Т-клеток; см., например, WO 2007/042261.

Аффинность первого связывающего домена в отношении CDH19 человека предпочтительно составляет  $\leq 15$  нМ, более предпочтительно  $\leq 10$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 5$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 1$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 0,5$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 0,1$  нМ и наиболее предпочтительно  $\leq 0,05$  нМ. Аффинность первого связывающего домена в отношении CDH19 макака предпочтительно составляет  $\leq 15$  нМ, более предпочтительно  $\leq 10$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 5$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 1$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 0,5$  нМ, еще более предпочтительно  $\leq 0,1$  нМ и наиболее предпочтительно  $\leq 0,05$  нМ или даже  $\leq 0,01$  нМ. Аффинность можно измерять, например, в анализе Biacore или анализе Скэтчарда, например, как описано в примерах. Расхождение аффинности для связывания CDH19 макака относительно CDH19 человека составляет предпочтительно [1:10-1:5] или [5:1-10:1], более предпочтительно [1:5-5:1], и наиболее предпочтительно [1:2-3:1] или даже [1:1-3:1]. Другие способы определения аффинности хорошо известны специалисту в данной области.

Антитела человека, соответственно конструкции антител человека, лишены некоторых из проблем, ассоциированных с антителами/конструкциями антител, которые обладают переменными и/или константными областями мыши или крысы. Присутствие таких происходящих из мыши или крысы белков может приводить к быстрому выведению антител/конструкций антител, и оно может приводить к формированию иммунного ответа против антитела/конструкции антитела у пациента. Во избежание использования происходящих из мыши или крысы

антител/конструкций антител, антитела человека или полностью человеческие антитела можно получать путем обеспечения функций антител человека у грызуна, так чтобы грызун продуцировал полностью человеческие антитела.

Способность клонировать и реконструировать локусы человека в YAC размером миллионы пар оснований и вводить их в зародышевую линию мыши обеспечивает мощный подход для установления функциональных компонентов очень крупных или приблизительно картированных локусов, а также создание пригодных моделей заболеваний человека. Более того, использование такой технологии для замены локусов мыши их эквивалентами из человека обеспечивает уникальные знания об экспрессии и регуляции продуктов генов человека в процессе развития, их коммуникации с другими системами и их вовлечение в индукцию и прогрессирование заболевания.

Важным практическим применением такой стратегии является "гуманизация" гуморальной иммунной системы мыши. Введение локусов иммуноглобулинов (Ig) человека мышам, у которых эндогенные гены Ig инактивированы, обеспечивает возможность исследования механизмов, лежащих в основе запрограммированной экспрессии и сборки антител, а также их роли в развитии В-клеток. Более того, такая стратегия может обеспечить идеальный источник для получения полностью человеческих моноклональных антител (mAb) - важный этап в направлении реализации потенциала антительной терапии при заболеваниях человека. Ожидается, что полностью человеческие антитела/конструкции антител будут минимизировать иммуногенные и аллергические ответы, присущие mAb мыши и производным mAb мыши и, таким образом, увеличат эффективность и безопасность вводимых антител/конструкций антител. Можно ожидать, что применение полностью человеческих антител/конструкций антител обеспечит существенное преимущество при лечении хронических и рецидивирующих заболеваний человека, таких как воспаление, аутоиммунитет и злокачественная опухоль, которые требуют повторяющихся введений соединения.

Одним подходом в направлении этой цели было конструирование линий мыши с дефицитом продукции антител мыши с

крупными фрагментами локусов Ig человека в ожидании, что у такой мыши будет продуцироваться большой репертуар антител человека в отсутствие антител мыши. Крупные фрагменты Ig человека могут сохранить большое разнообразие переменных генов, а также надлежащую регуляцию продукции и экспрессии антител. С использованием аппарата мыши для диверсификации и селекции антител и отсутствия иммунологической толерантности к белкам человека, воспроизведенный репертуар антител человека в этих линиях мыши должен обеспечить высокую аффинность против любого представляющего интерес антигена, включая антигены человека. С использованием технологии гибридом можно без труда продуцировать и отбирать антигенспецифические mAb человека с желаемой специфичностью. Эта общая стратегия была продемонстрирована для поколения первых линий мышей XenoMouse, как опубликовано в 1994. (См. Green et al. Nature Genetics 7:13-21 (1994)). Были созданы линии XenoMouse с искусственными хромосомами дрожжей (YAC), содержащими фрагменты конфигурации эмбрионального типа размером 245 т.п.н. и 190 т.п.н. из локуса тяжелой цепи человека и локуса легкой цепи каппа человека, соответственно, которые содержали центральные последовательности переменной и константной области. Там же. Было показано, что содержащие Ig человека YAC являются совместимыми с системой мыши как для реаранжировки, так и для экспрессии антител, и они были способны заменять инактивированные гены Ig мыши. Это было продемонстрировано по их способности индуцировать развитие В-клеток, продуцировать подобный взрослому репертуар полностью человеческих антител и продуцировать антигенспецифические mAb человека. Эти результаты также указывают на то, что введение более крупных участков локусов Ig человека, содержащих большие количества V-генов, дополнительных регуляторных элементов и константных областей Ig человека может воспроизвести по существу полный набор, который является характерным для гуморального ответа человека на инфекцию и иммунизацию. Работа Green et al. недавно была расширена внесением более чем приблизительно 80% репертуара антител человека путем введения фрагментов YAC эмбриональной



конфигурации размером миллионы пар оснований локусов тяжелой цепи человека и локусов легкой цепи каппа человека, соответственно. См. Mendez et al. *Nature Genetics* 15:146-156 (1997) и патентную заявку США с серийным номером № 08/759620, поданную 3 декабря 1996 года, содержание которых включено в настоящее описание в качестве ссылок.

Получение мышей XenoMouse, кроме того, обсуждается и описано в патентной заявке США с серийным номером № 07/466008, поданной 12 января 1990 года, с серийным номером № 07/610515, поданной 8 ноября 1990 года, с серийным номером № 07/919297, поданной 24 июля 1992 года, с серийным номером № 07/922649, поданной 30 июля 1992 года, с серийным номером № 08/031801, поданной 15 марта 1993, с серийным номером № 08/112848, поданной 27 августа 1993 года, с серийным номером № 08/234145, поданной 28 апреля 1994 года, с серийным номером № 08/376279, поданной 20 января 1995 года, с серийным номером № 08/430938, поданной 27 апреля 1995 года, с серийным номером № 08/464584, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/464582, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/463191, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/462837, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/486853, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/486857, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/486859, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/462513, поданной 5 июня 1995 года, с серийным номером № 08/724752, поданной 2 октября 1996 года, и с серийным номером № 08/759620, поданной 3 декабря 1996 года и в патентах США № 6162963, 6150584, 6114598, 6075181 и 5939598 и в патентах Японии № 3 068 180 B2, 3 068 506 B2 и 3 068 507 B2. Также см. Mendez et al. *Nature Genetics* 15:146-156 (1997) и Green and Jakobovits J. *Exp. Med.* 188:483-495 (1998). Также см. патент Европы № EP 0 463151 B1, опубликованный 12 июня 1996 года, международную патентную заявку № WO 94/02602, опубликованную 3 февраля 1994 года, международную патентную заявку № WO 96/34096, опубликованную 31 октября 1996 года, WO 98/24893, опубликованную 11 июня 1998 года, WO 00/76310, опубликованную

21 декабря 2000 года, WO 03/47336. Содержание каждого из цитированных выше патентов, заявок и ссылок включено в настоящее описание в качестве ссылки в полном объеме.

В альтернативном подходе прочие, включая GenPharm International, Inc. использовали подход "минилокусов". В подходе минилокусов экзогенный локус Ig имитируют путем включения фрагментов (индивидуальных генов) из локуса Ig. Таким образом, один или несколько генов  $V_H$ , один или несколько генов  $D_H$ , один или несколько генов  $J_H$ , константную область  $\mu$  и вторую константную область (предпочтительно константную область  $\gamma$ ) преобразуют в конструкции для введения животному. Этот подход описан в патенте США № 5545807, выданном Surani et al. и в патентах США № 5545806, 5625825, 5625126, 5633425, 5661016, 5770429, 5789650, 5814318, 5877397, 5874299 и 6255458, каждый из которых выдан Lonberg и Kay, патентах США № 5591669 и 6023010, выданных Krimpenfort и Berns, патентах США № 5612205, 5721367 и 5789215, выданных Berns et al., и в патенте США № 5643763, выданном Choi и Dunn, и в международной патентной заявке США GenPharm с серийным номером № 07/574748, поданной 29 августа 1990 года, с серийным номером № 07/575962, поданной 31 августа 1990 года, с серийным номером № 07/810279, поданной 17 декабря 1991 года, с серийным номером № 07/853408, поданной 18 марта 1992 года, с серийным номером № 07/904068, поданной 23 июня 1992 года, с серийным номером № 07/990860, поданной 16 декабря 1992 года, с серийным номером № 08/053131, поданной 26 апреля 1993 года, с серийным номером № 08/096762, поданной 22 июля 1993 года, с серийным номером № 08/155301, поданной 18 ноября 1993 года, с серийным номером № 08/161739, поданной 3 декабря 1993 года, с серийным номером № 08/165699, поданной 10 декабря 1993 года, с серийным номером № 08/209741, поданной 9 марта 1994 года, содержание которых включено в настоящее описание в качестве ссылок. Также см. патент Европы № 0 546 073 В 1, международные патентные заявки № WO 92/03918, WO 92/22645, WO 92/22647, WO 92/22670, WO 93/12227, WO 94/00569, WO 94/25585, WO 96/14436, WO 97/13852 и WO 98/24884 и патент США № 5981175, содержание которых включено в настоящее описание в

качестве ссылок в полном объеме. Кроме того, см. Taylor et al., 1992, Chen et al., 1993, Tuailon et al., 1993, Choi et al., 1993, Lonberg et al., (1994), Taylor et al., (1994), и Tuailon et al., (1995), Fishwild et al., (1996), содержание которых включено в настоящее описание в качестве ссылок в полном объеме.

Kirin также продемонстрировал получение антител человека у мышей, которым, посредством слияния микроклеток, были введены крупные фрагменты хромосомы или целые хромосомы. См. патентные заявки Европы № 773 288 и 843 961, содержание которых включено в настоящее описание в качестве ссылок. Xenex Biosciences разрабатывают технологию для потенциального получения антител человека. В этой технологии мышей SCID воспроизводят с лимфоцитами человека, например, В- и/или Т-клетками. Затем мышей иммунизируют антигеном, и у них может формироваться иммунный ответ против антигена. См. патенты США № 5476996, 5698767 и 5958765.

Ответы человека против антител мыши (НАМА) привели промышленность к созданию химерных или иным образом гуманизированных антител. В то время как химерные антитела имеют константную область человека и переменную область мыши, ожидается, что будут наблюдаться определенные ответы человека против химерных антител (НАСА), в частности, при длительном или многодозовом использовании антитела. Таким образом, является желательным предоставление полностью человеческих антител против EGFRvIII для устранения проблем и/или эффектов ответа НАМА или НАСА.

Цитотоксичность, опосредуемую биспецифическими конструкциями антител против CDH19/CD3, можно измерять различными способами. Эффекторные клетки, могут представлять собой, например стимулированные увеличенные в количестве CD8-положительные Т-клетки (человека) или нестимулированные мононуклеарные клетки периферической крови (PBMC) (человека). Если клетки-мишени происходят из макака или экспрессируют или трансфицированы CDH19 макака, эффекторные клетки также должны происходить из макака, как например, линия Т-клеток макака,

например, 4119LnPх. Клетки-мишени должны экспрессировать (по меньшей мере внеклеточный домен) CDH19, например CDH19 человека или макака. Клетки-мишени могут представлять собой клеточную линию (такую как CHO), которая стабильно или временно трансфицирована CDH19, например, CDH19 человека или макака. Альтернативно клетки-мишени могут представлять собой CDH19-положительную естественным образом экспрессирующую клеточную линию, такую как клеточная линия миеломы человека CHL-1 или Colo-699. Обычно ожидается, что величины EC50 являются более низкими в случае клеточных линий, экспрессирующих высокие уровни CDH19 на клеточной поверхности. Соотношение эффектора к клетке-мишени (E:T) обычно составляет приблизительно 10:1, но также может варьировать. Цитотоксическую активность биспецифических конструкций антител против CDH19/CD3 можно измерять в анализе высвобождения 51-хрома (время инкубации приблизительно 18 часов) или в анализе цитотоксичности на основе FACS (время инкубации приблизительно 48 часов). Также возможны модификации времени инкубации в анализе (цитотоксическая реакция). Другие способы измерения цитотоксичности хорошо известны квалифицированному специалисту и включают анализы MTT или MTS, анализы на основе АТР, включая биолюминесцентные анализы, анализ с сульфородамино В (SRB), анализ WST, клоногенный анализ и технологию ECIS.

Цитотоксическую активность, опосредуемую биспецифическими конструкциями антител против CDH19/CD3 по настоящему изобретению, предпочтительно измеряют в клеточном анализе цитотоксичности. Ей эквивалентна величина EC<sub>50</sub>, которая соответствует половине максимальной эффективной концентрации (концентрация конструкции антитела, которая индуцирует половинный цитотоксический ответ между исходным уровнем и максимумом). Предпочтительно, величина EC<sub>50</sub> биспецифической конструкции антитела против CDH19/CD3 составляет ≤20000 пг/мл, более предпочтительно ≤5000 пг/мл, еще более предпочтительно ≤1000 пг/мл, еще более предпочтительно ≤500 пг/мл, еще более предпочтительно ≤350 пг/мл, еще более предпочтительно ≤320 пг/мл, еще более предпочтительно ≤250 пг/мл, еще более

предпочтительно  $\leq 100$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 50$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 10$  пг/мл, и наиболее предпочтительно  $\leq 5$  пг/мл.

Любую из описанных выше данных величин  $EC_{50}$  можно комбинировать с любым из указанных сценариев клеточного анализа цитотоксичности. Например, когда CD8-положительные Т-клетки (человека) или Т-клеточную линию макака используют в качестве эффекторных клеток, величина  $EC_{50}$  биспецифической конструкции антитела против CDH19/CD3 предпочтительно составляет  $\leq 1000$  пг/мл, более предпочтительно  $\leq 500$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 250$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 100$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 50$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 10$  пг/мл, и наиболее предпочтительно  $\leq 5$  пг/мл. Если в этом анализе клетки-мишени представляют собой трансфицированные CDH19 (человека или макака) клетки, такие как клетки CHO, величина  $EC_{50}$  биспецифической конструкции антитела против CDH19/CD3 предпочтительно составляет  $\leq 150$  пг/мл, более предпочтительно  $\leq 100$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 50$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 30$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 10$  пг/мл и наиболее предпочтительно  $\leq 5$  пг/мл.

Если клетки-мишени представляют собой CDH19-положительную естественным образом экспрессирующую клеточную линию, тогда величина  $EC_{50}$  предпочтительно составляет  $\leq 350$  пг/мл, более предпочтительно  $\leq 320$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 250$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 200$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 100$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 150$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 100$  пг/мл, и наиболее предпочтительно  $\leq 50$  пг/мл или ниже.

Когда PBMC (человека) используют в качестве эффекторных клеток, величина  $EC_{50}$  биспецифической конструкции антитела против CDH19/CD3 предпочтительно составляет  $\leq 1000$  пг/мл, более предпочтительно  $\leq 750$  пг/мл, более предпочтительно  $\leq 500$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 350$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 320$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 250$  пг/мл, еще более предпочтительно  $\leq 100$  пг/мл, и наиболее предпочтительно  $\leq 50$  пг/мл, или ниже.

Различие цитотоксической активности между мономерной и димерной изоформами индивидуальных биспецифических конструкций антител против CDH19/CD3 обозначают как "интервал эффективности". Этот интервал эффективности можно вычислять, например, как отношение между величинами  $EC_{50}$  мономерной и димерной формы молекулы. Интервалы эффективности конструкций биспецифических антител против CDH19/CD3 по настоящему изобретению предпочтительно составляют  $\leq 5$ , более предпочтительно  $\leq 4$ , еще более предпочтительно  $\leq 3$ , еще более предпочтительно  $\leq 2$  и наиболее предпочтительно  $\leq 1$ .

Конструкция антитела по изобретению представляет собой слитый белок, содержащий по меньшей мере два связывающих домена с пептидными линкерами (спейсерные пептиды) или без них. Подходящие пептидные линкеры включают линкеры, описанные в патентах США 4751180 и 4935233 или WO 88/09344.

Другой способ получения олигомерных производных конструкций антител вовлекает использование лейциновой молнии. Домены лейциновой молнии представляют собой пептиды, которые обеспечивают олигомеризацию белков, в которых они встречаются. Лейциновые молнии первоначально были идентифицированы в нескольких ДНК-связывающих белках (Landschulz *et al.*, 1988, *Science* 240:1759), и с тех пор они были выявлены в множестве различных белков. Известные лейциновые молнии включают встречающиеся в природе пептиды и их производные, которые димеризуются или тримеризуются. Примеры доменов лейциновых молний, пригодных для продуцирования растворимых олигомерных белков, описаны в заявке РСТ WO 94/10308, и лейциновая молния, происходящая из белка сурфактанта легкого D (SPD), описана в Норре *et al.*, 1994, *FEBS Letters* 344:191, включенной в настоящее описание в качестве ссылки. Использование модифицированной лейциновой молнии, которая позволяет стабильную тримеризацию гетерологичного белка, слитого с ней, описано в Fanslow *et al.*, 1994, *Semin. Immunol.* 6:267-78. В одном подходе рекомбинантные слитые белки, содержащие фрагмент антитела против CDH19 или производное, слитое с пептидом лейциновой молнии, экспрессируют в подходящих клетках-хозяевах

и растворимые олигомерные фрагменты антител против CDH19 или производные, которые образуются, выделяют из культурального супернатанта.

Ковалентные модификации антигенсвязывающих белков включены в объем настоящего изобретения и, как правило, но не всегда, они осуществляются посттрансляционно. Например, несколько типов ковалентных модификаций антигенсвязывающего белка вносят в молекулу путем реакции определенных аминокислотных остатков на антигенсвязывающем белке с органическим дериватирующим агентом, который способен реагировать с выбранными боковыми цепями или N- или C-концевыми остатками.

Цистеинильные остатки наиболее часто подвергают реакции с  $\alpha$ -галоацетатами (и соответствующими аминами), такими как хлоруксусная кислота или хлорацетамид, с получением карбоксиметильных или карбоксиамидометильных производных. Цистеинильные остатки также преобразуют в производные путем реакции с бромтрифторацетоном,  $\alpha$ -бром- $\beta$ -(5-имидазоил)пропионовой кислотой, хлорацетилфосфатом, N-алкилмалеинимидами, 3-нитро-2-пиридилдисульфидом, метил-2-пиридилдисульфидом, п-хлорртутьбензоатом, 2-хлорртуть-4-нитрофенолом или хлор-7-нитробензо-2-окса-1,3-диазолом.

Гистидильные остатки преобразуют в производное путем реакции с диэтилпирокарбонатом при pH 5,5-7,0, поскольку это средство является относительно специфичным к гистидильной боковой цепи. Также является пригодным пара-бромфенацилбромид; реакцию предпочтительно проводят в 0,1 М какодилакте натрия при pH 6,0.

Лизинильные и N-концевые остатки подвергают реакции с ангидридами янтарной или другой карбоновой кислоты. Дериватизация этими агентами имеет эффект реверсии заряда лизинильных остатков. Другие пригодные реагенты для дериватизации альфа-аминосодержащих остатков включают сложные имидоэфиры, такие как метилпиколинимидат; пиридоксальфосфат; пиридоксаль; хлорборгидрид; тринитробензолсульфоновая кислота; O-метилизомочевина; 2,4-пентандион и глиоксаль в катализируемой трансаминазой реакции.

Аргинильные остатки модифицируют путем реакции с одним или несколькими общепринятыми реагентами, среди которых фенилглиоксаль, 2,3-бутандион, 1,2-циклогександион и нингидрин. Дериватизация остатков аргинина требует, чтобы реакцию проводили в щелочных условиях, вследствие высокой рКа функциональной группы гуанидина. Более того, эти реагенты могут реагировать с группами лизина, а также с эpsilon-аминогруппой аргинина.

Можно проводить специфическую модификацию тирозильных остатков, причем особый интерес представляет внесение спектральных меток в тирозильные остатки путем реакции с ароматическими соединениями диазония или тетранитрометаном. Наиболее часто, используют N-ацетилимидазол и тетранитрометан для получения O-ацетилтирозильных структур и 3-нитропроизводных, соответственно. Тирозильные остатки йодируют с использованием  $^{125}\text{I}$  или  $^{131}\text{I}$  с получением меченых белков для применения в радиоиммунном анализе, причем пригодным является способ с хлорамином T, описанный выше.

Карбоксильные боковые группы (аспартил или глутамил) селективно модифицируют путем реакции с карбодиимидами ( $\text{R}'-\text{N}=\text{C}=\text{N}-\text{R}$ ), где R и R' необязательно представляют собой различные алкильные группы, такие как 1-циклогексил-3-(2-морфолинил-4-этил) карбодиимид или 1-этил-3-(4-азоний-4,4-диметилпентил) карбодиимид. Более того, аспартильные и глутамильные остатки преобразуют в аспарагинильные и глутаминильные остатки путем реакции с ионами аммония.

Дериватизация посредством бифункциональных агентов пригодна для сшивания антигенсвязывающих белков с нерастворимой в воде подложкой или поверхностью для применения в различных способах. Широко используемые сшивающие средства включают, например, 1,1-бис(диазоацетил)-2-фенилэтан, глутаральдегид, N-гидроксисукцинимидные сложные эфиры, например, сложные эфиры с 4-азидосалициловой кислотой, гомобифункциональные сложные имидоэфиры, включая дисукцинимидильные сложные эфиры, такие как 3,3'-дитиобис(сукцинимидилпропионат), и бифункциональные малеинимиды, такие как бис-N-малеимидо-1,8-октан.



Дериватизирующие агенты, такие как метил-3-[(п-азидофенил) дитио]пропиоимидат дают фотоактивируемые промежуточные соединения, которые способны образовывать сшивки в присутствии света. Альтернативно для иммобилизации белка используют реакционноспособные нерастворимые в воде матрицы, такие как активированные цианогенбромидом углеводы и реакционноспособные субстраты, описанные в патентах США № 3969287; 3691016; 4195128; 4247642; 4229537 и 4330440.

Глутаминильные и аспарагинильные остатки часто дезамидируют до соответствующих глутамильных и аспартильных остатков, соответственно. Альтернативно эти остатки дезамидируют в мягких кислотных условиях. Любая форма этих остатков входит в объем настоящего изобретения.

Другие модификации включают гидроксильное пролина и лизина, фосфорилирование гидроксильных групп серильных или треонильных остатков, метилирование  $\alpha$ -аминогрупп боковых цепей лизина, аргинина и гистидина (Т. Е. Creighton, *Proteins: Structure and Molecular Properties*, W. H. Freeman & Co., San Francisco, 1983, pp. 79-86), ацетилирование N-концевого амина, и амидирование любой C-концевой карбоксильной группы.

Другой тип ковалентной модификации антигенсвязывающего белка, входящего в объем настоящего изобретения, включает изменение характера гликозилирования белка. Как известно в данной области, профили гликозилирования могут зависеть как от последовательности белка (например, присутствие или отсутствие конкретных аминокислотных остатков гликозилирования, рассмотренных ниже), или клетки-хозяина или организма-хозяина, в которых белок продуцируется. Конкретные экспрессирующие системы рассмотрены ниже.

Гликозилирование полипептидов, как правило, является либо N-связанным, либо O-связанным. N-связанное гликозилирование относится к связыванию углеводной части с боковой цепью остатка аспарагина. Трипептидные последовательности аспарагин-X-серин и аспарагин-X-треонин, где X представляет собой любую аминокислоту, за исключением пролина, представляют собой последовательности распознавания для ферментативного связывания

углеводной части с боковой цепью аспарагина. Таким образом, присутствие любой из этих трипептидных последовательностей в полипептиде создает потенциальный участок гликозилирования. O-связанное гликозилирование относится к связыванию одного из сахаров: N-ацетилгалактозамина, галактозы или ксилозы с гидроксиаминокислотой, наиболее часто серином или треонином, хотя также можно использовать 5-гидроксипролин или 5-гидроксилизин.

Добавление участков гликозилирования к антигенсвязывающему белку удобно проводить путем изменения аминокислотной последовательности, так чтобы она содержала одну или несколько из описанных выше трипептидных последовательностей (для участков N-связанного гликозилирования). Изменение также можно проводить путем добавления или замены одного или нескольких остатков серина или треонина к исходной последовательности (для участков O-связанного гликозилирования). Для простоты аминокислотную последовательность антигенсвязывающего белка предпочтительно изменяют путем изменений на уровне ДНК, в частности, путем мутации ДНК, кодирующей полипептид-мишень, в заранее выбранных основаниях, так чтобы получить кодоны, которые будут транслироваться в желаемые аминокислоты.

Другим средством для увеличения количества углеводных частей на антигенсвязывающем белке является химическое или ферментативное связывание гликозидов с белком. Эти методики являются преимущественными, поскольку они не требуют продуцирования белка в клетке-хозяине, который обладает способностью к N- и O-связанному гликозилированию. В зависимости от используемого способа связывания, сахар(а) можно связывать с (a) аргинином и гистидином, (b) свободными карбоксильными группами, (c) свободными сульфгидрильными группами, такими как сульфгидрильные группы цистеина, (d) свободными гидроксильными группами, такими как гидроксильные группы серина, треонина или гидроксипролина, (e) ароматическими остатками, такими как ароматические остатки фенилаланина, тирозина или триптофана, или (f) амидной группой глутамина. Эти способы описаны в WO 87/05330, опубликованной 11 сентября 1987

года, и в Aplin and Wriston, 1981, *CRC Crit. Rev. Biochem.*, pp. 259-306.

Удаление углеводных частей, присутствующих в исходном антигенсвязывающем белке, можно проводить химически или ферментативно. Химическое дегликозилирование требует воздействия на белок соединения трифторметансульфоновой кислоты или эквивалентного соединения. Эта обработка приводит к отщеплению большей части или всех сахаров, за исключением связывающего сахара (N-ацетилглюкозамин или N-ацетилгалактозамин), оставляя полипептид интактным. Химическое дегликозилирование описано в Hakimuddin *et al.*, 1987, *Arch. Biochem. Biophys.* 259:52 и Edge *et al.*, 1981, *Anal. Biochem.* 118:131. Ферментативное отщепление углеводных частей на полипептидах может быть осуществлено с использованием различных эндо- и экзогликозидаз, как описано Thotakura *et al.*, 1987, *Meth. Enzymol.* 138:350. Гликозилирование в потенциальных участках гликозилирования можно предупреждать с использованием соединения туникамицина, как описано Duskin *et al.*, 1982, *J. Biol. Chem.* 257:3105. Туникамицин блокирует образование связей белок-N-гликозид.

Другой тип ковалентной модификации антигенсвязывающего белка включает связывание антигенсвязывающего белка с различными небелковыми полимерами, включая, но не ограничиваясь ими, различные полиолы, такие как полиэтиленгликоль, полипропиленгликоль или полиоксиалкилены, как указано в патентах США № 4640835; 4496689; 4301144; 4670417; 4791192 или 4179337. Кроме того, как известно в данной области, аминокислотные замены можно вносить в различные положения в антигенсвязывающем белке для облегчения присоединению полимеров, таких как PEG.

В некоторых вариантах осуществления ковалентная модификация антигенсвязывающих белков по изобретению включает присоединение одной или нескольких меток.

Термин "группа для мечения" означает любую поддающуюся обнаружению метку. Примеры пригодных поддающихся мечению групп включают, но не ограничиваются ими, следующие группы:

радиоизотопы или радионуклиды (например,  $^3\text{H}$ ,  $^{14}\text{C}$ ,  $^{15}\text{N}$ ,  $^{35}\text{S}$ ,  $^{89}\text{Zr}$ ,  $^{90}\text{Y}$ ,  $^{99}\text{Tc}$ ,  $^{111}\text{In}$ ,  $^{125}\text{I}$ ,  $^{131}\text{I}$ ), флуоресцентные группы (например, FITC, родамин, лантаноидные люминофоры), ферментные метки (например, пероксидаза хрена,  $\beta$ -галактозидаза, люцифераза, щелочная фосфатаза); хемилюминесцентные группы, биотинильные группы или заданные полипептидные эпитопы, распознаваемые вторичным репортером (например, парные последовательности "лейциновых молний", участки связывания для вторичных антител, связывающие металл домены, эпитопные метки). В некоторых вариантах осуществления, группа для мечения связана с антигенсвязывающим белком через спейсерные группы различной длины для уменьшения потенциального пространственного препятствования. Различные способы мечения белков известны в данной области, и их можно использовать для осуществления настоящего изобретения.

Как правило, метки относятся к различным классам, в зависимости от анализа, в которых их выявляют: а) изотопные метки, которые могут представлять собой радиоактивные или тяжелые изотопы; б) магнитные метки (например, магнитные частицы); в) окислительно-восстановительные активные части; г) оптические красители; ферментные группы (например, пероксидаза хрена,  $\beta$ -галактозидаза, люцифераза, щелочная фосфатаза); д) биотинилированные группы; и е) заданные полипептидные эпитопы, распознаваемые вторичным репортером (например, парные последовательности "лейциновых молний", участки связывания для вторичных антител, связывающие металл домены, эпитопные метки и т.д.). В некоторых вариантах осуществления группа для мечения связана с антигенсвязывающим белком через спейсерные группы различной длины для уменьшения потенциального пространственного препятствования. Различные способы мечения белков известны в данной области, и их можно использовать для осуществления настоящего изобретения.

Специфические метки включают оптические красители, включая, но не ограничиваясь ими, хромофоры, соединения фосфора и флуорофоры, причем последние из них являются специфическими во многих случаях. Флуорофоры могут быть либо

"низкомолекулярными" флуорофорами, либо белковыми флуорофорами.

Под "флуоресцентной меткой" подразумевают любую молекулу, которая может быть обнаружена вследствие присущих ей флуоресцентных свойств. Пригодные флуоресцентные метки включают, но не ограничиваются ими, флуоресцеин, родамин, тетраметилродамин, эозин, эритрозин, кумарин, метилкумарины, пирен, Malacite green, стильбен, Lucifer Yellow, Cascade BlueJ, тexasский красный, IAEDANS, EDANS, BODIPY FL, LC Red 640, Cy 5, Cy 5,5, LC Red 705, Oregon green, красители Alexa-Fluor (Alexa Fluor 350, Alexa Fluor 430, Alexa Fluor 488, Alexa Fluor 546, Alexa Fluor 568, Alexa Fluor 594, Alexa Fluor 633, Alexa Fluor 660, Alexa Fluor 680), Cascade Blue, Cascade Yellow и R-фикоэритрин (PE) (Molecular Probes, Eugene, OR), FITC, родамин и тexasский красный (Pierce, Rockford, IL), Cy5, Cy5,5, Cy7 (Amersham Life Science, Pittsburgh, PA). Подходящие оптические красители, включая флуорофоры, описаны в Molecular Probes Handbook, Richard P. Haugland, включенной в настоящее описание в качестве ссылки в полном объеме.

Пригодные белковые флуоресцентные метки также включают, но не ограничиваются ими, зеленый флуоресцентный белок, включая белки GFP видов *Renilla*, *Ptilosarcus* или *Aequorea* (Chalfie et al., 1994, *Science* 263:802-805), EGFP (Clontech Laboratories, Inc., Genbank Accession Number U55762), синий флуоресцентный белок (BFP, Quantum Biotechnologies, Inc. 1801 de Maisonneuve Blvd. West, 8th Floor, Montreal, Quebec, Canada H3H 1J9; Stauber, 1998, *Biotechniques* 24:462-471; Heim et al., 1996, *Curr. Biol.* 6:178-182), усиленный желтый флуоресцентный белок (EYFP, Clontech Laboratories, Inc.), люциферазу (Ichiki et al., 1993, *J. Immunol.* 150:5408-5417),  $\beta$ -галактозидазу (Nolan et al., 1988, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 85:2603-2607) и *Renilla* (W092/15673, W095/07463, W098/14605, W098/26277, W099/49019, патенты США № 5292658, 5418155, 5683888, 5741668, 5777079, 5804387, 5874304, 5876995, 5925558). Все из цитированных выше ссылок включены в настоящее описание в качестве ссылок в полном объеме.

Конструкция антитела по изобретению также может содержать

дополнительные домены, которые, например, пригодны для выделения молекулы или связаны с адаптированным фармакокинетическим профилем молекулы.

Домены, пригодные для выделения конструкции антитела, можно выбирать из пептидных мотивов или вторично внесенных частей, которые можно иммобилизовывать в способе выделения, например, на колонке для выделения. Неограничивающие варианты осуществления таких дополнительных доменов включают пептидные мотивы, известные как Мус-метка, НАТ-метка, НА-метка, ТАР-метка, GST-метка, хитинсвязывающий домен (CBD-метка), связывающий мальтозу белок (MBP-метка), Flag-метка, Strep-метка и их варианты (например, StrepII-метка) и His-метка. Все описанные в настоящем описании конструкции антител, характеризующиеся указанными CDR, предпочтительно содержат домен His-метки, который является общеизвестным в качестве повтора последовательно расположенных остатков His в аминокислотной последовательности молекулы, предпочтительно из шести остатков His.

Как описано в прилагаемом примере 2, большое количество специфических связывающих CDH19 молекул охарактеризовано в отношении идентифицированных характеристик связывания, и эти связывающие молекулы сгруппированы в пять различных типов, которые относятся к пяти различным подгруппам специфических связывающих CDH19 доменов. Таким образом, в одном варианте осуществления конструкции антитела по изобретению первый связывающий содержит область VH, содержащую CDR-H1, CDR-H2 и CDR-H3, и область VL, содержащую CDR-L1, CDR-L2 и CDR-L3, выбранные из группы, состоящей из:

(a) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 54, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 222,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 84, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как

представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 252,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 84, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 927,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 909, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 927,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 54, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 926,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 904, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 926,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1126, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1127, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1128, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1129, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1130, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1131,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1165, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1166, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1167, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1168, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1169, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1170,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1334, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1335, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1336, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1337, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1338, и CDR-L3, как

представлено в SEQ ID NO: 1339,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1347, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1348, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1349, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1350, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1351, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1352, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1360 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1361, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1362, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1363, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1364, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1365,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1425 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1426, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1427, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1428, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1429, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1430,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1438 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1439, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1440, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1441, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1442, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1443, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2167 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2168, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2169, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2170, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2171, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2172,

все из которых характеризуются связывающими доменами для CDH19, сгруппированными в тип 1;

(b) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 124, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 125, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 126, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 292, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 293, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 294,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 132, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2,









представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 916, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 932,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1009, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1010, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1011, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1012, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1013, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1014,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1022, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1023, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1024, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1025, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1026, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1027,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1035, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1036, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1037, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1038, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1039, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1040,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1074, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1075, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1076, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1077, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1078, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1079,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1100, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1101, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1102, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1103, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1104, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1105,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1113, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1114, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1115, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1116, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1117, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1118,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1243, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1244, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 1245, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1246, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1247, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1248,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1256, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1257, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1258, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1259, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1260, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1261,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1269, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1270, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1271, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1272, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1273, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1274,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1282, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1283, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1284, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1285, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1286, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1287, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1295, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1296, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1297, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1300,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1647, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1648, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1649, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1650, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1651, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1652,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1660, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1661, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1662, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1663, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1664, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1665,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1894, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1895, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1896, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1897, CDR-

L2, как представлено в SEQ ID NO: 1898, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1899,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1907, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1908, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1909, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1910, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1911, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1912,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1933, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1934, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1935, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1936, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1937, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1938,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1946, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1947, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1948, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1949, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1950, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1951,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1959, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1960, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1961, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1962, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1963, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1964,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1972, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1973, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1974, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1975, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1976, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1977,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1985, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1986, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1987, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1988, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1989, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1990,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1998, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1999, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2000, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2001, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2002, и CDR-L3, как

представлено в SEQ ID NO: 2003,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2011, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2012, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2013, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2014, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2015, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2016,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2024, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2025, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2026, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2027, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2028, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2029,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2037, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2038, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2039, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2040, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2041, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2042, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2050, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2051, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2052, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2053, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2054, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2055,

все из которых характеризуются связывающими доменами для CDH19, сгруппированными в тип2;

(с) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 94, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 95, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 96, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 262, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 263, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 264,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 100, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 101, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 102, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 268, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 269, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 270,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 118, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 119, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 120, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 286, CDR-L2,





SEQ ID NO: 288,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 154, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 155, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 920, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 322, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 323, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 324,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 996, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 997, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 998, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 999, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1000, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1001,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1048, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1049, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1050, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1051, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1052, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1053,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1087, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1088, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1089, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1090, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1091, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1092,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1608, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1609, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1610, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1611, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1612, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1613,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1621, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1622, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1623, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1624, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1625, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1626,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1634, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1635, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1636, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1637, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1638, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1639,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1673, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1674, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1675, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1676, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1677, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1678,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1686, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1687, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1688, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1689, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1690, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1691,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1699, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1700, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1701, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1702, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1703, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1704,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1712, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1713, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1714, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1715, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1716, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1717,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1725, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1726, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1727, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1728, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1729, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1730,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1738, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1739, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1740, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1741, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1742, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1743,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1751, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1752, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1753, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1754, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1755, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1756,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1764, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 1765, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1766, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1767, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1768, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1769, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1920, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1921, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1922, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1923, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1924, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1925,

все из которых характеризуются связывающими доменами для CDH19, сгруппированными в тип 3;

(d) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 4, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 5, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 6, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 172, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 173, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 174,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 10, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 11, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 12, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 178, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 179, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 180,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 29, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 196, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 198,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 34, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 35, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 36, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 202, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 203, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 204,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 46, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 47, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 48, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 214, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 215, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 216,



представлено в SEQ ID NO: 47, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 48, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 925, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 215, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 216,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 70, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 907, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 72, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 238, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 239, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 240,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 70, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 907, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 908, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 238, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 239, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 240,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 901, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 922, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 923,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 58, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 905, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 906, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 226, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 227, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 228,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 58, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 905, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 60, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 226, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 227, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 228,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 160, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 161, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 162, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 939, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 329, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 330,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 160, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 921, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 162, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 939, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 329, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 940,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 160, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 161, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 162, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 941, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 329, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 330,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 29, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 196, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 923,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 29, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 922, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 923,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 901, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 922, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 923,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 29, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 939, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 329, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 330,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 970, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 971, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 972, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 973, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 974, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 975,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1061, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1062, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1063, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1064, CDR-

L2, как представлено в SEQ ID NO: 1065, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1066,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1139, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1140, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1141, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1142, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1143, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1144,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1152, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1153, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1154, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1155, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1156, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1157,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1178, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1179, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1180, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1181, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1182, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1183,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1191, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1192, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1193, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1194, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1195, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1196,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1204, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1205, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1206, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1207, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1208, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1209,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1217, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1218, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1219, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1222,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1230, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1231, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1232, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1233, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1234, и CDR-L3, как

представлено в SEQ ID NO: 1235,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1308, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1309, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1310, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1311, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1312, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1313,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1321, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1322, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1323, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1324, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1325, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1326,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1373, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1374, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1375, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1376, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1377, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1378,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1386, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1387, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1388, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1389, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1390, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1391,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1399, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1400, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1401, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1402, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1403, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1404,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1412, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1413, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1414, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1415, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1416, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1417,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1777, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1778, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1779, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1780, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1781, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1782,



CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1790, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1791, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1792, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1793, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1794, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1795,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1803, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1804, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1805, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1806, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1807, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1808,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1816, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1817, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1818, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1819, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1820, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1821,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1829, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1830, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1831, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1832, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1833, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1834,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1842, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1843, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1844, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1845, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1846, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1847,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1855, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1856, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1857, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1858, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1859, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1860,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1868, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1869, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1870, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1871, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1872, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1873,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1881, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 1882, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1883, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1884, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1885, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1886,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2063, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2064, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2065, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2066, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2067, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2068,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2076, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2077, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2078, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2079, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2080, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2081,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2089, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2090, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2091, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2092, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2093, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2094,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2102, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2103, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2104, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2105, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2106, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2107,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2115, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2116, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2117, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2118, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2119, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2120,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2128, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2129, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2130, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2131, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2132, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2133,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2141, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2142, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 2143, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2144, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2145, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2146,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2154, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2155, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2156, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2157, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2158, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2159,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2180, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2181, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2182, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2183, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2184, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2185,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2193, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2194, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2195, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2196, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2198, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2206, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2207, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2208, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2209, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2210, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2211

все из которых характеризуются связывающими доменами для CDH19, сгруппированными в тип 4; и

(e) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 76, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 77, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 78, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 244, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 245, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 246,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 88, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 89, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 90, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 256, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 257, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 258,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 106, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 107, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 108, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 274, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 275, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 276,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 112, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 113, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 114, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 280, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 281, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 282,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 106, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 107, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 108, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 274, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 275, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 276,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 983, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 984, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 985, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 986, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 987, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 988,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1582, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1583, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1584, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1585, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1586, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1587, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1595, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1596, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1597, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1598, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1599, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1600,

все из которых характеризуются связывающими доменами для CDH19, сгруппированными в тип 5.

В следующем варианте осуществления конструкции антитела по изобретению первый связывающий домен содержит область VH, выбранную из группы, состоящей из областей VH

(a) как представлено в SEQ ID NO: 362, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 485, SEQ ID NO: 486, SEQ ID NO: 487, SEQ ID NO: 492, SEQ

ID NO: 493, SEQ ID NO: 494, SEQ ID NO: 495, SEQ ID NO: 1133, SEQ ID NO: 1172, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1354, SEQ ID NO: 1367, SEQ ID NO: 1432, SEQ ID NO: 1445 и SEQ ID NO: 2174,

сгруппированные в тип 1;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 366, SEQ ID NO: 370, SEQ ID NO: 344, SEQ ID NO: 372, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 496, SEQ ID NO: 497, SEQ ID NO: 498, SEQ ID NO: 499, SEQ ID NO: 500, SEQ ID NO: 508, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 511, SEQ ID NO: 512, SEQ ID NO: 519, SEQ ID NO: 520, SEQ ID NO: 521, SEQ ID NO: 522, SEQ ID NO: 523, SEQ ID NO: 524, SEQ ID NO: 525, SEQ ID NO: 526, SEQ ID NO: 527, SEQ ID NO: 528, SEQ ID NO: 529, SEQ ID NO: 530, SEQ ID NO: 531, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 534, SEQ ID NO: 535, SEQ ID NO: 536, SEQ ID NO: 537, SEQ ID NO: 538, SEQ ID NO: 1016, SEQ ID NO: 1029, SEQ ID NO: 1042, SEQ ID NO: 1081, SEQ ID NO: 1107, SEQ ID NO: 1120, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1263, SEQ ID NO: 1276, SEQ ID NO: 1289, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1654, SEQ ID NO: 1667, SEQ ID NO: 1901, SEQ ID NO: 1914, SEQ ID NO: 1940, SEQ ID NO: 1953, SEQ ID NO: 1966, SEQ ID NO: 1979, SEQ ID NO: 1992, SEQ ID NO: 2005, SEQ ID NO: 2018, SEQ ID NO: 2031, SEQ ID NO: 2044 и SEQ ID NO: 2057,

сгруппированные в тип 2;

(c) как представлено в SEQ ID NO: 338, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 378, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 476, SEQ ID NO: 477, SEQ ID NO: 478, SEQ ID NO: 479, SEQ ID NO: 480, SEQ ID NO: 481, SEQ ID NO: 482, SEQ ID NO: 483, SEQ ID NO: 484, SEQ ID NO: 501, SEQ ID NO: 502, SEQ ID NO: 503, SEQ ID NO: 504, SEQ ID NO: 505, SEQ ID NO: 506, SEQ ID NO: 517, SEQ ID NO: 518, SEQ ID NO: 1003, SEQ ID NO: 1055, SEQ ID NO: 1094, SEQ ID NO: 1615, SEQ ID NO: 1628, SEQ ID NO: 1641, SEQ ID NO: 1680, SEQ ID NO: 1693, SEQ ID NO: 1706, SEQ ID NO: 1719, SEQ ID NO: 1732, SEQ ID NO: 1745, SEQ ID NO: 1758, SEQ ID NO: 1771 и SEQ ID NO: 1927,

сгруппированные в тип 3;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 388, SEQ ID NO: 386, SEQ ID NO: 340, SEQ ID NO: 346, SEQ ID NO: 374, SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 390, SEQ ID NO: 463, SEQ

ID NO: 464, SEQ ID NO: 465, SEQ ID NO: 466, SEQ ID NO: 467, SEQ ID NO: 468, SEQ ID NO: 469, SEQ ID NO: 470, SEQ ID NO: 471, SEQ ID NO: 472, SEQ ID NO: 473, SEQ ID NO: 474, SEQ ID NO: 475, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 490, SEQ ID NO: 491, SEQ ID NO: 513, SEQ ID NO: 514, SEQ ID NO: 515, SEQ ID NO: 516, SEQ ID NO: 540, SEQ ID NO: 541, SEQ ID NO: 542, SEQ ID NO: 543, SEQ ID NO: 977, SEQ ID NO: 1068, SEQ ID NO: 1146, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1198, SEQ ID NO: 1211, SEQ ID NO: 1224, SEQ ID NO: 1237, SEQ ID NO: 1315, SEQ ID NO: 1328, SEQ ID NO: 1380, SEQ ID NO: 1393, SEQ ID NO: 1406, SEQ ID NO: 1419, SEQ ID NO: 1469, SEQ ID NO: 1478, SEQ ID NO: 1485, SEQ ID NO: 1494, SEQ ID NO: 1501, SEQ ID NO: 1508, SEQ ID NO: 1519, SEQ ID NO: 1526, SEQ ID NO: 1533, SEQ ID NO: 1542, SEQ ID NO: 1549, SEQ ID NO: 1558, SEQ ID NO: 1565, SEQ ID NO: 1784, SEQ ID NO: 1797, SEQ ID NO: 1810, SEQ ID NO: 1823, SEQ ID NO: 1836, SEQ ID NO: 1849, SEQ ID NO: 1862, SEQ ID NO: 1875, SEQ ID NO: 1888, SEQ ID NO: 2070, SEQ ID NO: 2083, SEQ ID NO: 2096, SEQ ID NO: 2109, SEQ ID NO: 2122, SEQ ID NO: 2135, SEQ ID NO: 2148, SEQ ID NO: 2161, SEQ ID NO: 2187, SEQ ID NO: 2200 и SEQ ID NO: 2213,

сгруппированные в тип 4; и

(е) как представлено в SEQ ID NO: 376, SEQ ID NO: 392, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 507, SEQ ID NO: 990, SEQ ID NO: 1589 и SEQ ID NO: 1602,

сгруппированные в тип 5.

В другом варианте осуществления конструкции антитела по изобретению первый связывающий домен содержит область VL, выбранную из группы, состоящей из областей VL

(а) как представлено в SEQ ID NO: 418, SEQ ID NO: 420, SEQ ID NO: 580, SEQ ID NO: 581, SEQ ID NO: 582, SEQ ID NO: 587, SEQ ID NO: 588, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 590, SEQ ID NO: 1135, SEQ ID NO: 1174, SEQ ID NO: 1343, SEQ ID NO: 1356, SEQ ID NO: 1369, SEQ ID NO: 1434, SEQ ID NO: 1447 и SEQ ID NO: 2176,

сгруппированных в тип 1;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 398, SEQ ID NO: 422, SEQ ID NO: 426, SEQ ID NO: 400, SEQ ID NO: 428, SEQ ID NO: 424, SEQ ID NO: 591, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 594, SEQ

ID NO: 595, SEQ ID NO: 603, SEQ ID NO: 604, SEQ ID NO: 605, SEQ ID NO: 606, SEQ ID NO: 607, SEQ ID NO: 614, SEQ ID NO: 615, SEQ ID NO: 616, SEQ ID NO: 617, SEQ ID NO: 618, SEQ ID NO: 619, SEQ ID NO: 620, SEQ ID NO: 621, SEQ ID NO: 622, SEQ ID NO: 623, SEQ ID NO: 624, SEQ ID NO: 625, SEQ ID NO: 626, SEQ ID NO: 627, SEQ ID NO: 628, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 631, SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 633, SEQ ID NO: 1018, SEQ ID NO: 1031, SEQ ID NO: 1044, SEQ ID NO: 1083, SEQ ID NO: 1109, SEQ ID NO: 1122, SEQ ID NO: 1252, SEQ ID NO: 1265, SEQ ID NO: 1278, SEQ ID NO: 1291, SEQ ID NO: 1304, SEQ ID NO: 1656, SEQ ID NO: 1669, SEQ ID NO: 1903, SEQ ID NO: 1916, SEQ ID NO: 1942, SEQ ID NO: 1955, SEQ ID NO: 1968, SEQ ID NO: 1981, SEQ ID NO: 1994, SEQ ID NO: 2007, SEQ ID NO: 2020, SEQ ID NO: 2033, SEQ ID NO: 2046 и SEQ ID NO: 2059,

сгруппированных в тип 2;

(с) как представлено в SEQ ID NO: 394, SEQ ID NO: 410, SEQ ID NO: 434, SEQ ID NO: 412, SEQ ID NO: 571, SEQ ID NO: 572, SEQ ID NO: 573, SEQ ID NO: 574, SEQ ID NO: 575, SEQ ID NO: 576, SEQ ID NO: 577, SEQ ID NO: 578, SEQ ID NO: 579, SEQ ID NO: 596, SEQ ID NO: 597, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 599, SEQ ID NO: 600, SEQ ID NO: 601, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 1005, SEQ ID NO: 1057, SEQ ID NO: 1096, SEQ ID NO: 1617, SEQ ID NO: 1630, SEQ ID NO: 1643, SEQ ID NO: 1682, SEQ ID NO: 1695, SEQ ID NO: 1708, SEQ ID NO: 1721, SEQ ID NO: 1734, SEQ ID NO: 1747, SEQ ID NO: 1760, SEQ ID NO: 1773 и SEQ ID NO: 1929,

сгруппированных в тип 3;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 408, SEQ ID NO: 416, SEQ ID NO: 444, SEQ ID NO: 442, SEQ ID NO: 396, SEQ ID NO: 402, SEQ ID NO: 430, SEQ ID NO: 404, SEQ ID NO: 446, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 559, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 561, SEQ ID NO: 562, SEQ ID NO: 563, SEQ ID NO: 564, SEQ ID NO: 565, SEQ ID NO: 566, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 568, SEQ ID NO: 569, SEQ ID NO: 570, SEQ ID NO: 583, SEQ ID NO: 584, SEQ ID NO: 585, SEQ ID NO: 586, SEQ ID NO: 608, SEQ ID NO: 609, SEQ ID NO: 610, SEQ ID NO: 611, SEQ ID NO: 635, SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 637, SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 979, SEQ ID NO: 1070, SEQ ID NO: 1148, SEQ ID NO: 1161,

SEQ ID NO: 1187, SEQ ID NO: 1200, SEQ ID NO: 1213, SEQ ID NO: 1226, SEQ ID NO: 1239, SEQ ID NO: 1317, SEQ ID NO: 1330, SEQ ID NO: 1382, SEQ ID NO: 1395, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1421, SEQ ID NO: 1471, SEQ ID NO: 1480, SEQ ID NO: 1487, SEQ ID NO: 1496, SEQ ID NO: 1503, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1521, SEQ ID NO: 1528, SEQ ID NO: 1535, SEQ ID NO: 1544, SEQ ID NO: 1551, SEQ ID NO: 1560, SEQ ID NO: 1567, SEQ ID NO: 1786, SEQ ID NO: 1799, SEQ ID NO: 1812, SEQ ID NO: 1825, SEQ ID NO: 1838, SEQ ID NO: 1851, SEQ ID NO: 1864, SEQ ID NO: 1877, SEQ ID NO: 1890, SEQ ID NO: 2072, SEQ ID NO: 2085, SEQ ID NO: 2098, SEQ ID NO: 2111, SEQ ID NO: 2124, SEQ ID NO: 2137, SEQ ID NO: 2150, SEQ ID NO: 2163, SEQ ID NO: 2189, SEQ ID NO: 2202 и SEQ ID NO: 2215,

сгруппированных в тип 4; и

(е) как представлено в SEQ ID NO: 432, SEQ ID NO: 448, SEQ ID NO: 414, SEQ ID NO: 406, SEQ ID NO: 602, SEQ ID NO: 992, SEQ ID NO: 1591 и SEQ ID NO: 1604,

сгруппированных в тип 5.

Кроме того, изобретение относится к варианту осуществления конструкции антитела по изобретению, где первый связывающий домен содержит область VH и область VL, выбранную из группы, состоящей из:

(1) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 362+418, SEQ ID NO: 364+420, SEQ ID NO: 485+580, SEQ ID NO: 486+581, SEQ ID NO: 487+582, SEQ ID NO: 492+587, SEQ ID NO: 493+588, SEQ ID NO: 494+589, SEQ ID NO: 495+590, SEQ ID NO: 1133+1135, SEQ ID NO: 1172+1174, SEQ ID NO: 1341+1343, SEQ ID NO: 1354+1356, SEQ ID NO: 1367+1369, SEQ ID NO: 1432+1434, SEQ ID NO: 1445+1447 и SEQ ID NO: 2174+2176,

причем все пары сгруппированы в тип 1;

(2) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 342+398, SEQ ID NO: 366+422, SEQ ID NO: 370+426, SEQ ID NO: 344+400, SEQ ID NO: 372+428, SEQ ID NO: 368+424, SEQ ID NO: 496+591, SEQ ID NO: 497+592, SEQ ID NO: 498+593, SEQ ID NO: 499+594, SEQ ID NO: 500+595, SEQ ID NO: 508+603, SEQ ID NO: 509+604, SEQ ID NO: 510+605, SEQ ID NO: 511+606, SEQ ID NO: 512+607, SEQ ID NO: 519+614, SEQ ID NO: 520+615, SEQ ID NO:



521+616, SEQ ID NO: 522+617, SEQ ID NO: 523+618, SEQ ID NO:  
524+619, SEQ ID NO: 525+620, SEQ ID NO: 526+621, SEQ ID NO:  
527+622, SEQ ID NO: 528+623, SEQ ID NO: 529+624, SEQ ID NO:  
530+625, SEQ ID NO: 531+626, SEQ ID NO: 532+627, SEQ ID NO:  
533+628, SEQ ID NO: 534+629, SEQ ID NO: 535+630, SEQ ID NO:  
536+631, SEQ ID NO: 537+632, SEQ ID NO: 538+633, SEQ ID NO:  
1016+1018, SEQ ID NO: 1029+1031, SEQ ID NO: 1042+1044, SEQ ID  
NO: 1081+1083, SEQ ID NO: 1107+1109, SEQ ID NO: 1120+1122, SEQ  
ID NO: 1250+1252, SEQ ID NO: 1263+1265, SEQ ID NO: 1276+1278,  
SEQ ID NO: 1289+1291, SEQ ID NO: 1302+1304, SEQ ID NO:  
1654+1656, SEQ ID NO: 1667+1669, SEQ ID NO: 1901+1903, SEQ ID  
NO: 1914+1916, SEQ ID NO: 1940+1942, SEQ ID NO: 1953+1955, SEQ  
ID NO: 1966+1968, SEQ ID NO: 1979+1981, SEQ ID NO: 1992+1994,  
SEQ ID NO: 2005+2007, SEQ ID NO: 2018+2020, SEQ ID NO:  
2031+2033, SEQ ID NO: 2044+2046 и SEQ ID NO: 2057+2059,

причем все пары сгруппированы в тип 2;

(3) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID  
NO: 338+394, SEQ ID NO: 354+410, SEQ ID NO: 378+434, SEQ ID NO:  
356+412, SEQ ID NO: 476+571, SEQ ID NO: 477+572, SEQ ID NO:  
478+573, SEQ ID NO: 479+574, SEQ ID NO: 480+575, SEQ ID NO:  
481+576, SEQ ID NO: 482+577, SEQ ID NO: 483+578, SEQ ID NO:  
484+579, SEQ ID NO: 501+596, SEQ ID NO: 502+597, SEQ ID NO:  
503+598, SEQ ID NO: 504+599, SEQ ID NO: 505+600, SEQ ID NO:  
506+601, SEQ ID NO: 517+612, SEQ ID NO: 518+613, SEQ ID NO:  
1003+1005, SEQ ID NO: 1055+1057, SEQ ID NO: 1094+1096, SEQ ID  
NO: 1615+1617, SEQ ID NO: 1628+1630, SEQ ID NO: 1641+1643, SEQ  
ID NO: 1680+1682, SEQ ID NO: 1693+1695, SEQ ID NO: 1706+1708,  
SEQ ID NO: 1719+1721, SEQ ID NO: 1732+1734, SEQ ID NO:  
1745+1747, SEQ ID NO: 1758+1760, SEQ ID NO: 1771+1773 и SEQ ID  
NO: 1927+1929,

причем все пары сгруппированы в 3;

(4) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID  
NO: 352+408, SEQ ID NO: 360+416, SEQ ID NO: 388+444, SEQ ID NO:  
386+442, SEQ ID NO: 340+396, SEQ ID NO: 346+402, SEQ ID NO:  
374+430, SEQ ID NO: 348+404, SEQ ID NO: 390+446, SEQ ID NO:  
463+558, SEQ ID NO: 464+559, SEQ ID NO: 465+560, SEQ ID NO:

466+561, SEQ ID NO: 467+562, SEQ ID NO: 468+563, SEQ ID NO:  
 469+564, SEQ ID NO: 470+565, SEQ ID NO: 471+566, SEQ ID NO:  
 472+567, SEQ ID NO: 473+568, SEQ ID NO: 474+569, SEQ ID NO:  
 475+570, SEQ ID NO: 488+583, SEQ ID NO: 489+584, SEQ ID NO:  
 490+585, SEQ ID NO: 491+586, SEQ ID NO: 513+608, SEQ ID NO:  
 514+609, SEQ ID NO: 515+610, SEQ ID NO: 516+611, SEQ ID NO:  
 540+635, SEQ ID NO: 541+636, SEQ ID NO: 542+637, SEQ ID NO:  
 543+638, SEQ ID NO: 977+979, SEQ ID NO: 1068+1070, SEQ ID NO:  
 1146+1148, SEQ ID NO: 1159+1161, SEQ ID NO: 1185+1187, SEQ ID  
 NO: 1198+1200, SEQ ID NO: 1211+1213, SEQ ID NO: 1224+1226, SEQ  
 ID NO: 1237+1239, SEQ ID NO: 1315+1317, SEQ ID NO: 1328+1330,  
 SEQ ID NO: 1380,+1382 SEQ ID NO: 1393+1395, SEQ ID NO:  
 1406+1408, SEQ ID NO: 1419+1421, SEQ ID NO: 1469+1471, SEQ ID  
 NO: 1478+1480, SEQ ID NO: 1485+1487, SEQ ID NO: 1494+1496, SEQ  
 ID NO: 1501+1503, SEQ ID NO: 1508+1510, SEQ ID NO: 1519+1521,  
 SEQ ID NO: 1526+1528, SEQ ID NO: 1533+1535, SEQ ID NO:  
 1542+1544, SEQ ID NO: 1549+1551, SEQ ID NO: 1558+1560, SEQ ID  
 NO: 1565+1567, SEQ ID NO: 1784+1786, SEQ ID NO: 1797+1799, SEQ  
 ID NO: 1810+1812, SEQ ID NO: 1823+1825, SEQ ID NO: 1836+1838,  
 SEQ ID NO: 1849+1851, SEQ ID NO: 1862+1864, SEQ ID NO:  
 1875+1877, SEQ ID NO: 1888+1890, SEQ ID NO: 2070+2072, SEQ ID  
 NO: 2083+2085, SEQ ID NO: 2096+2098, SEQ ID NO: 2109+2111, SEQ  
 ID NO: 2122+2124, SEQ ID NO: 2135+2137, SEQ ID NO: 2148+2150,  
 SEQ ID NO: 2161+2163, SEQ ID NO: 2187+2189, SEQ ID NO:  
 2200+2202 и SEQ ID NO: 2213+2215,

причем все пары сгруппированы в тип 4; и

(5) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID  
 NO: 376+432, SEQ ID NO: 392+448, SEQ ID NO: 358+414, SEQ ID NO:  
 350+406, SEQ ID NO: 507+602, SEQ ID NO: 990+992, SEQ ID NO:  
 1589+1591 и SEQ ID NO: 1602+1604,

причем все пары сгруппированы в тип 5.

В следующем варианте осуществления изобретения конструкция  
 антитела имеет формат, выбранный группы, состоящей из (scFv)<sub>2</sub>,  
 (однодоменного mAb)<sub>2</sub>, scFv-однодоменного mAb, диантител и их  
 олигомеров.

В предпочтительном варианте осуществления первый

связывающий домен содержит аминокислоту, выбранную из группы, состоящей из

(a) как представлено в SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 1137, SEQ ID NO: 1176, SEQ ID NO: 1345, SEQ ID NO: 1358, SEQ ID NO: 1371, SEQ ID NO: 1436, SEQ ID NO: 1449 и SEQ ID NO: 2178,

причем все связывающие молекулы сгруппированы в тип 1;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 1020, SEQ ID NO: 1033, SEQ ID NO: 1046, SEQ ID NO: 1085, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1124, SEQ ID NO: 1254, SEQ ID NO: 1267, SEQ ID NO: 1280, SEQ ID NO: 1293, SEQ ID NO: 1306, SEQ ID NO: 1658, SEQ ID NO: 1671, SEQ ID NO: 1905, SEQ ID NO: 1918, SEQ ID NO: 1944, SEQ ID NO: 1957, SEQ ID NO: 1970, SEQ ID NO: 1983, SEQ ID NO: 1996, SEQ ID NO: 2009, SEQ ID NO: 2022, SEQ ID NO: 2035, SEQ ID NO: 2048 и SEQ ID NO: 2061,

причем все связывающие молекулы сгруппированы в тип 2;

(c) как представлено в SEQ ID NO: 1007, SEQ ID NO: 1059, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1619, SEQ ID NO: 1632, SEQ ID NO: 1645, SEQ ID NO: 1684, SEQ ID NO: 1697, SEQ ID NO: 1710, SEQ ID NO: 1723, SEQ ID NO: 1736, SEQ ID NO: 1749, SEQ ID NO: 1762, SEQ ID NO: 1775 и SEQ ID NO: 1931,

причем все связывающие молекулы сгруппированы в тип 3;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1072, SEQ ID NO: 1150, SEQ ID NO: 1163, SEQ ID NO: 1189, SEQ ID NO: 1202, SEQ ID NO: 1215, SEQ ID NO: 1228, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1319, SEQ ID NO: 1332, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1397, SEQ ID NO: 1410, SEQ ID NO: 1423, SEQ ID NO: 1473, SEQ ID NO: 1482, SEQ ID NO: 1489, SEQ ID NO: 1498, SEQ ID NO: 1505, SEQ ID NO: 1512, SEQ ID NO: 1523, SEQ ID NO: 1530, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1546, SEQ ID NO: 1553, SEQ ID NO: 1562, SEQ ID NO: 1569, SEQ ID NO: 1788, SEQ ID NO: 1801, SEQ ID NO: 1814, SEQ ID NO: 1827, SEQ ID NO: 1840, SEQ ID NO: 1853, SEQ ID NO: 1866, SEQ ID NO: 1879, SEQ ID NO: 1892, SEQ ID NO: 2074, SEQ ID NO: 2087, SEQ ID NO: 2100, SEQ ID NO: 2113, SEQ ID NO: 2126, SEQ ID NO: 2139, SEQ ID NO: 2152, SEQ ID NO: 2165, SEQ ID NO: 2191, SEQ ID NO: 2204 и SEQ ID NO: 2217,

причем все связывающие молекулы сгруппированы в тип 4; и

(е) как представлено в SEQ ID NO: 994, SEQ ID NO: 1593 и SEQ ID NO: 1606, сгруппированные в тип 5.

В одном аспекте изобретения второй связывающий домен способен связываться с CD3 человека и с CD3 макака, предпочтительно с CD3-эпсилон человека и с CD3-эпсилон макака. Дополнительно или альтернативно второй связывающий домен способен связываться с CD3-эпсилон *Callithrix jacchus*, *Saguinus oedipus* и/или *Saimiri sciureus*. В соответствии с этими вариантами осуществления один или оба связывающих домена конструкции антитела по изобретению предпочтительно обладают перекрестно-видовой специфичностью в отношении представителей млекопитающих отряда приматов. Связывающие CD3 домены с перекрестно видовой специфичностью описаны, например, в WO 2008/119567.

Для конструкции антитела по настоящему изобретению особенно предпочтительно, чтобы второй связывающий домен, способный связываться с комплексом Т-клеточного рецептора с CD3, содержал область VL, содержащую CDR-L1, CDR-L2 и CDR-L3, выбранные из:

(a) CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 27 WO 2008/119567, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 28 WO 2008/119567, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 29 WO 2008/119567;

(b) CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 117 WO 2008/119567, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 118 WO 2008/119567, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 119 WO 2008/119567; и

(c) CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 153 WO 2008/119567, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 154 WO 2008/119567, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 155 WO 2008/119567.

Альтернативно, в предпочтительном варианте осуществления конструкции антитела по настоящему изобретению второй связывающий домен, способный связываться с комплексом Т-клеточного рецептора с CD3, содержит область VH, содержащую CDR-H 1, CDR-H2 и CDR-H3, выбранные из:

(a) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 12 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 13 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 14 WO 2008/119567;

(b) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 30 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 31 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 32 WO 2008/119567;

(c) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 48 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 49 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 50 WO 2008/119567;

(d) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 66 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 67 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 68 WO 2008/119567;

(e) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 84 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 85 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 86 WO 2008/119567;

(f) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 102 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 103 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 104 WO 2008/119567;

(g) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 120 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 121 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 122 WO 2008/119567;

(h) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 138 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 139 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 140 WO 2008/119567;

(i) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 156 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 157 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 158 WO 2008/119567; и

(j) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 174 WO 2008/119567, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 175 WO 2008/119567, и CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 176 WO 2008/119567.

Кроме того, для конструкции антитела по настоящему изобретению предпочтительно, чтобы второй связывающий домен, способный связываться с комплексом Т-клеточного рецептора с CD3, содержал область VL, выбранную из группы, состоящей из области VL, как представлено в SEQ ID NO: 35, 39, 125, 129, 161 или 165 WO 2008/119567.

Альтернативно, предпочтительно, чтобы второй связывающий домен, способный связывать комплекс Т-клеточного рецептора с CD3, содержал область VH, выбранную из группы, состоящей из области VH, как представлено в SEQ ID NO: 15, 19, 33, 37, 51, 55, 69, 73, 87, 91, 105, 109, 123, 127, 141, 145, 159, 163, 177 или 181 WO 2008/119567.

Более предпочтительно, конструкция антитела по настоящему изобретению характеризуется вторым связывающим доменом, способным связываться с комплексом Т-клеточного рецептора с CD3, содержащим область VL и область VH, выбранную из группы, состоящей из:

(a) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 17 или 21 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 15 или 19 WO 2008/119567;

(b) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 35 или 39 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 33 или 37 WO 2008/119567;

(c) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 53 или 57 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 51 или 55 WO 2008/119567;

(d) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 71 или 75 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 69 или 73 WO 2008/119567;

(e) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 89 или 93 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 87 или 91 WO 2008/119567;

(f) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 107 или 111 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 105 или 109 WO 2008/119567;

(g) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 125 или 129 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 123 или 127 WO 2008/119567;

(h) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 143 или 147 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 141 или 145 WO 2008/119567;

(i) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 161 или 165 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 159 или 163 WO 2008/119567; и

(j) область VL, как представлено в SEQ ID NO: 179 или 183 WO 2008/119567, и область VH, как представлено в SEQ ID NO: 177 или 181 WO 2008/119567.

В соответствии с предпочтительным вариантом осуществления конструкции антитела по настоящему изобретению, в частности, второго связывающего домена, способного связываться с комплексом Т-клеточного рецептора с CD3, пара областей VH и областей VL имеют формат одноцепочечного антитела (scFv). Области VH и VL расположены в порядке VH-VL или VL-VH. Предпочтительно, чтобы область VH была расположена со стороны N-конца линкерной последовательности. Область VL расположена со стороны C-конца линкерной последовательности.

Предпочтительный вариант осуществления описанной выше конструкции антитела по настоящему изобретению характеризуется вторым связывающим доменом, способным связывать комплекс Т-клеточного рецептора с CD3, содержащим аминокислотную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 23, 25, 41, 43, 59, 61, 77, 79, 95, 97, 113, 115, 131, 133, 149, 151, 167, 169, 185 или 187 WO 2008/119567.

В предпочтительном варианте осуществления конструкция антитела по изобретению имеет аминокислотную последовательность, выбранную из группы, состоящей из

(a) как представлено в SEQ ID NO: 1138, SEQ ID NO: 1177, SEQ ID NO: 1346, SEQ ID NO: 1359, SEQ ID NO: 1372, SEQ ID NO:

1437, SEQ ID NO: 1450 и SEQ ID NO: 2179;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 1021, SEQ ID NO: 1034, SEQ ID NO: 1047, SEQ ID NO: 1086, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1125, SEQ ID NO: 1255, SEQ ID NO: 1268, SEQ ID NO: 1281, SEQ ID NO: 1294, SEQ ID NO: 1307, SEQ ID NO: 1659, SEQ ID NO: 1672, SEQ ID NO: 1906, SEQ ID NO: 1919, SEQ ID NO: 1945, SEQ ID NO: 1958, SEQ ID NO: 1971, SEQ ID NO: 1984, SEQ ID NO: 1997, SEQ ID NO: 2010, SEQ ID NO: 2023, SEQ ID NO: 2036, SEQ ID NO: 2049 и SEQ ID NO: 2062;

(c) как представлено в SEQ ID NO: 1008, SEQ ID NO: 1060, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1620, SEQ ID NO: 1633, SEQ ID NO: 1646, SEQ ID NO: 1685, SEQ ID NO: 1698, SEQ ID NO: 1711, SEQ ID NO: 1724, SEQ ID NO: 1737, SEQ ID NO: 1750, SEQ ID NO: 1763, SEQ ID NO: 1776 и SEQ ID NO: 1932;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1073, SEQ ID NO: 1151, SEQ ID NO: 1164, SEQ ID NO: 1190, SEQ ID NO: 1203, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1229, SEQ ID NO: 1242, SEQ ID NO: 1320, SEQ ID NO: 1333, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1398, SEQ ID NO: 1411, SEQ ID NO: 1424, SEQ ID NO: 1474, SEQ ID NO: 1475, SEQ ID NO: 1476, SEQ ID NO: 1483, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1492, SEQ ID NO: 1499, SEQ ID NO: 1506, SEQ ID NO: 1513, SEQ ID NO: 1514, SEQ ID NO: 1515, SEQ ID NO: 1516, SEQ ID NO: 1517, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1531, SEQ ID NO: 1538, SEQ ID NO: 1539, SEQ ID NO: 1540, SEQ ID NO: 1547, SEQ ID NO: 1554, SEQ ID NO: 1555, SEQ ID NO: 1556, SEQ ID NO: 1563, SEQ ID NO: 1570, SEQ ID NO: 1571, SEQ ID NO: 1572, SEQ ID NO: 1573, SEQ ID NO: 1574, SEQ ID NO: 1575, SEQ ID NO: 1576, SEQ ID NO: 1577, SEQ ID NO: 1578, SEQ ID NO: 1579, SEQ ID NO: 1580, SEQ ID NO: 1581, SEQ ID NO: 1789, SEQ ID NO: 1802, SEQ ID NO: 1815, SEQ ID NO: 1828, SEQ ID NO: 1841, SEQ ID NO: 1854, SEQ ID NO: 1867, SEQ ID NO: 1880, SEQ ID NO: 1893, SEQ ID NO: 2075, SEQ ID NO: 2088, SEQ ID NO: 2101, SEQ ID NO: 2114, SEQ ID NO: 2127, SEQ ID NO: 2140, SEQ ID NO: 2153, SEQ ID NO: 2166, SEQ ID NO: 2192, SEQ ID NO: 2205 и SEQ ID NO: 2218-2228; и

(e) как представлено в SEQ ID NO: 995, SEQ ID NO: 1594 и SEQ ID NO: 1607.



Кроме того, изобретение относится к последовательности нуклеиновой кислоты, кодирующей конструкцию антитела по изобретению.

Более того, изобретение относится к вектору, содержащему последовательность нуклеиновой кислоты по изобретению. Более того, изобретение относится к клетке-хозяину, трансформированной или трансфицированной последовательностью нуклеиновой кислоты по изобретению.

В следующем варианте осуществления изобретение относится к способу получения конструкции антитела по изобретению, причем указанный способ включает культивирование клетки-хозяина по изобретению в условиях, позволяющих экспрессию конструкции антитела по изобретению, и выделение продуцированной конструкции антитела из культуры.

Более того, изобретение относится к фармацевтической композиции, содержащей конструкцию антитела по изобретению или продуцированной способом по изобретению.

Составы, описанные в настоящем описании, являются пригодными в качестве фармацевтических композиций для лечения, смягчения и/или предупреждения патологического медицинского состояния, как описано в настоящем описании, у пациента, нуждающегося в этом. Термин "лечение" относится как к терапевтическому лечению, так и к профилактическим мерам. Лечение включает нанесение или введение состава в организм, выделенную ткань или клетку от пациента, который имеет заболевание/нарушение, симптом заболевания/нарушения или предрасположенность к заболеванию/нарушению, с целью излечения, заживления, смягчения, облегчения, изменения, устранения, ослабления, улучшения или влияния на заболевание, симптом заболевания или предрасположенность к заболеванию.

Индивидуумы, "нуждающиеся в лечении", включают индивидуумов, уже имеющих нарушение, а также индивидуумов, у которых нарушение намереваются предупредить. Термин "заболевание" представляет собой любое состояние, при котором является полезным лечение составом белка, описанным в настоящем описании. Оно включает хронические и острые нарушения или

заболевания, включающие патологические состояния, которые предрасполагают млекопитающее к рассматриваемому заболеванию. Неограничивающие примеры заболеваний/нарушений, подлежащих лечению в рамках настоящего изобретения, включают пролиферативное заболевание, опухолевое заболевание или иммунологическое нарушение.

В некоторых вариантах осуществления изобретение относится к фармацевтической композиции, содержащей терапевтически эффективное количество одной или нескольких конструкций антител по изобретению вместе с фармацевтически эффективными разбавителями, носителем, солюбилизатором, эмульгатором, консервантом и/или адъювантом. Фармацевтические композиции по изобретению включают, но не ограничиваются ими, жидкие, замороженные и лиофилизированные композиции.

Предпочтительно, материалы состава являются нетоксичными для реципиентов в используемых дозировках и концентрациях. В конкретных вариантах осуществления фармацевтические композиции содержат терапевтически эффективное количество конструкции антитела по изобретению.

В определенных вариантах осуществления фармацевтическая композиция может содержать материалы состава для модификации, поддержания или сохранения, например, pH, осмолярности, вязкости, прозрачности, цвета, изотоничности, запаха, стерильности, стабильности, скорости растворения или высвобождения, всасывания или проникновения композиции. В таких вариантах осуществления пригодные материалы состава включают, но не ограничиваются ими, аминокислоты (такие как глицин, глутамин, аспарагин, аргинин, пролин или лизин); противомикробные средства; антиоксиданты (такие как аскорбиновая кислота, сульфит натрия или гидросульфит натрия); буферы (такие как борат, бикарбонат, Tris-HCl, цитраты, фосфаты или другие органические кислоты); объемобразующие средства (такие как маннит или глицин); хелатирующие агенты (такие как этилендиаминтетрауксусная кислота (EDTA)); комплексообразующие вещества (такие как кофеин, поливинилпирролидон, бета-циклодекстрин или гидроксипропил-бета-циклодекстрин);

наполнители; моносахариды; дисахариды; и другие углеводы (такие как глюкоза, манноза или декстрины); белки (такие как сывороточный альбумин, желатин или иммуноглобулины); красители, вкусовые добавки и разбавители; эмульгаторы; гидрофильные полимеры (такие как поливинилпирролидон); низкомолекулярные полипептиды; солеобразующие противоионы (такие как натрий); консерванты (такие как хлорид бензалкония, бензойная кислота, салициловая кислота, тимеросал, фенэтиловый спирт, метилпарабен, пропилпарабен, хлоргексидин, сорбиновая кислота или пероксид водорода); растворители (такие как глицерин, пропиленгликоль или полиэтиленгликоль); спирты сахаров (такие как маннит или сорбит); суспендирующие вещества; поверхностно-активные вещества или смачивающие вещества (такие как плуроники, PEG, сложные эфиры сорбитана, полисорбаты, такие как полисорбат 20, полисорбат, тритон, трометамин, лецитин, холестерин, тилоксапал); повышающие стабильность средства (такие как сахароза или сорбит); повышающие тоничность средства (такие как галогениды щелочных металлов, предпочтительно хлорид натрия или калия, маннит, сорбит); носители для доставки; разбавители; эксципиенты и/или фармацевтические адъюванты. См., REMINGTON'S PHARMACEUTICAL SCIENCES, 18<sup>th</sup> Edition, (A. R. Genrmo, ed.), 1990, Mack Publishing Company.

В определенных вариантах осуществления оптимальную фармацевтическую композицию определяет специалист в данной области в зависимости, например, от предполагаемого пути введения, формата доставки и желаемой дозировки. См., например, REMINGTON'S PHARMACEUTICAL SCIENCES, выше. В определенных вариантах осуществления такие композиции могут влиять на физическое состояние, стабильность, скорость высвобождения *in vivo* и скорость выведения *in vivo* антигенсвязывающих белков по изобретению. В определенных вариантах осуществления основной переносчик или носитель в фармацевтической композиции может иметь водную или неводную природу. Например, пригодный переносчик или носитель может представлять собой воду для инъекций, физиологический солевой раствор или искусственную цереброспинальную жидкость, возможно дополненные другими

материалами, распространенными в композициях для парентерального введения. Следующими иллюстративными носителями являются нейтральный забуференный солевой раствор или солевой раствор, смешанный с сывороточным альбумином. В конкретных вариантах осуществления фармацевтические композиции содержат Tris-буфер, рН 7,0-8,5, или ацетатный буфер, рН 4,0-5,5, и, кроме того, они могут включать сорбит или пригодный его заменитель. В определенных вариантах осуществления изобретения композиции антитела человека или его антигенсвязывающего фрагмента по изобретению или конструкции антитела по изобретению можно получать для хранения путем смешения выбранной композиции, имеющей желаемую степень чистоты, с необязательными средствами для составления (REMINGTON'S PHARMACEUTICAL SCIENCES, выше) в форме лиофилизированного материала или водного раствора. Кроме того, в определенных вариантах осуществления антитело человека, или его антигенсвязывающий фрагмент по изобретению, или конструкцию антитела по изобретению можно составлять в качестве лиофилизата с использованием соответствующих эксципиентов, таких как сахароза.

Фармацевтические композиции по изобретению можно выбирать для парентеральной доставки. Альтернативно композиции можно выбирать для ингаляции или для доставки через пищеварительный тракт, например, перорально. Получение таких фармацевтически приемлемых композиций находится в пределах квалификации специалиста в данной области. Компоненты состава предпочтительно присутствуют в концентрациях, которые являются приемлемыми для области введения. В определенных вариантах осуществления буферы используют для поддержания композиции при физиологических значениях рН или при несколько более низких значениях рН, как правило, в диапазоне рН от приблизительно 5 до приблизительно 8.

Когда предусматривается парентеральное введение, терапевтические композиции для применения в рамках настоящего изобретения могут быть предоставлены в форме не содержащего пирогенов парентерально приемлемого водного раствора,

содержащего желаемое антитело человека или его антигенсвязывающий фрагмент по изобретению или конструкцию антитела по изобретению в фармацевтически приемлемом носителе. Особенно пригодным носителем для парентеральной инъекции является стерильная дистиллированная вода, в которой конструкцию антитела по изобретению составляют в качестве стерильного изотонического раствора, надлежащим образом хранящегося. В определенных вариантах осуществления получение может вовлекать составление желаемой молекулы со средством, таким как инъеклируемые микросферы, биоразлагаемые частицы, полимерные соединения (такие как полимолочная кислота или полигликолевая кислота), гранулы или липосомы, которые могут обеспечить контролируемое или непрерывное высвобождение продукта и которые можно доставлять посредством депо-инъекции. В определенных вариантах осуществления также можно использовать гиалуроновую кислоту, имеющую эффект обеспечения пролонгированного нахождения в кровотоке. В определенных вариантах осуществления для введения желаемого антигенсвязывающего белка можно использовать имплантируемые устройства для доставки лекарственного средства.

Дополнительные фармацевтические композиции будут очевидны специалистам в данной области, включая составы, вовлекающие конструкцию антитела по изобретению в составах с непрерывной или контролируемой доставкой. Способы составления различных других средств для непрерывной или контролируемой доставки, таких как липосомальные носители, биоразлагаемые микрочастицы или пористые гранулы и депо-инъекции, также известны специалистам в данной области. См., например, международную патентную заявку № PCT/US93/00829, которая включена в качестве ссылки и в которой описано контролируемое высвобождение пористых полимерных микрочастиц для доставки фармацевтических композиций. Препараты с замедленным высвобождением могут включать полупроницаемые полимерные матрицы в форме имеющих определенную форму изделий, например, пленок или микрокапсул. Матрицы с замедленным высвобождением могут включать полиэфиры, гидрогели, полилактиды (как описано в патенте США № 3773919 и

публикации патентной заявки Европы № EP 058481, каждая из которых включена в качестве ссылки), сополимеры L-глутаминовой кислоты и гамма-этил-L-глутамата (Sidman et al., 1983, Biopolymers 2:547-556), поли-(2-гидроксиэтилметакрилат) (Langer et al., 1981, J. Biomed. Mater. Res. 15:167-277 и Langer, 1982, Chem. Tech. 12:98-105), этиленвинилацетат (Langer et al., 1981, выше) или поли-D(-)-3-гидроксимасляную кислоту (публикация патентной заявки Европы № EP 133988). Композиции с замедленным высвобождением также могут включать липосомы, которые можно получать любыми из нескольких способов, известных в данной области. См., например, Epstein et al., 1985, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 82:3688-3692; публикации патентных заявок Европы № EP 036676; EP 088046 и EP 143949, включенные в настоящее описание в качестве ссылок.

Фармацевтические композиции, используемые для введения *in vivo*, как правило, предоставляют в качестве стерильных препаратов. Стерилизацию можно проводить посредством фильтрации через стерильные фильтрующие мембраны. Когда композиция является лиофилизированной, стерилизацию с использованием этого способа можно проводить либо до, либо после лиофилизации и разбавления. Композиции для парентерального введения можно хранить в лиофилизированной форме или в растворе. Парентеральные композиции, как правило, помещают в контейнер, имеющий стерильное отверстие для доступа, например, мешок для внутривенного раствора или флакон, имеющий пробку, проницаемую для иглы для подкожных инъекций.

Аспекты изобретения включают составы собственно буферных конструкций антител по изобретению, которые можно использовать в качестве фармацевтических композиций, как описано в международной патентной заявке WO 06138181A2 (PCT/US2006/022599), которая включена в настоящее описание в качестве ссылки в полном объеме.

Как рассмотрено выше, в определенных вариантах осуществления предусматриваются белковые композиции конструкций антитела по изобретению, в частности, фармацевтические композиции по изобретению, которые содержат, в дополнение к

конструкции антитела по изобретению, один или несколько эксципиентов, таких как эксципиенты, иллюстративно описанные в этом разделе или в другом разделе настоящего описания. В этом отношении эксципиенты можно использовать в рамках изобретения для широкого множества целей, таких как коррекция физических, химических или биологических свойств составов, такая как коррекция вязкости, и/или в процессах по изобретению для повышения эффективности и/или для стабилизации таких составов и в процессах против деградации и ухудшения качества вследствие, например, внешних воздействий, которые могут происходить в процессе изготовления, транспортировки, хранения, приготовления перед применением, введения и после этого.

Доступны различные описания материалов для стабилизации и составления белков и способов, пригодных для этого, такие как Arakawa et al., "Solvent interactions in pharmaceutical formulations", Pharm Res. 8(3): 285-91 (1991); Kendrick et al., "Physical stabilization of proteins in aqueous solution": RATIONAL DESIGN OF STABLE PROTEIN FORMULATIONS: THEORY AND PRACTICE, Carpenter and Manning, eds. Pharmaceutical Biotechnology. 13: 61-84 (2002), и Randolph et al., "Surfactant-protein interactions", Pharm Biotechnol. 13: 159-75 (2002), все из которых включены в настоящее описание в качестве ссылок в полном объеме, в частности в частях, относящихся к эксципиентам и связанным с ними процессам для составов собственно буферных белков в соответствии с настоящим изобретением, особенно в отношении белковых фармацевтических продуктов и способов для ветеринарного применения и/или медицинского применения у человека.

Соли можно использовать в соответствии с определенными вариантами осуществления изобретения, например, для коррекции ионной силы и/или изотоничности состава и/или для повышения растворимости и/или физической стабильности белка или другого ингредиента композиции в соответствии с изобретением.

Как хорошо известно, ионы могут стабилизировать нативное состояние белков путем связывания с заряженными остатками на поверхности белка и путем экранирования заряженных и полярных

групп в белке и уменьшения прочности их электростатических взаимодействий, сил притяжения и сил отталкивания. Ионы также могут стабилизировать денатурированное состояние белка путем связывания, в частности, с денатурированными пептидными связями (-CONH) белка. Более того, ионное взаимодействие с заряженными и полярными группами в белке также может уменьшать межмолекулярные электростатические взаимодействия и, тем самым, предотвращать или снижать агрегацию белка и нерастворимость.

Типы ионов значительно различаются с точки зрения их эффектов на белки. Был разработан ряд категориальных ранговых оценок ионов и их эффектов на белки, которые можно использовать для составления фармацевтических композиций в соответствии с изобретением. Одним примером является ряд Гофмейстера, который ранжирует ионные и полярные неионные растворимые вещества по их эффекту на конформационную стабильность белков в растворе. Стабилизирующие растворимые вещества называют "космотропными". Дестабилизирующие растворимые вещества называют "хаотропными". Космотропные вещества обычно используют в высоких концентрациях (например, >1 моль/л сульфата аммония) для осаждения белков из раствора ("высаливание"). Хаотропные вещества обычно используют для денатурации и/или солюбилизации белков ("всаливание"). Относительная эффективность ионов для "всаливания" и "высаливания" определяет их положение в ряду Гофмейстера.

В составах конструкции антитела по изобретению можно использовать свободные аминокислоты в соответствии с различными вариантами осуществления изобретения в качестве объемообразующих средств, стабилизаторов и антиоксидантов, а также для других стандартных применений. Для стабилизации белков в составе можно использовать лизин, пролин, серин и аланин. Глицин является пригодным при лиофилизации для обеспечения правильной структуры и свойств материала. Аргинин может быть пригодным для ингибирования агрегации белка как в жидких, так и в лиофилизированных составах. Метионин является пригодным в качестве антиоксиданта.

Полиолы включают сахара, например, маннит, сахарозу и сорбит, и многоатомные спирты, например, такие как глицерин и



пропиленгликоль, и, для целей, описанных в настоящем описании, полиэтиленгликоль (PEG) и сходные вещества. Полиолы являются космотропными. Они являются пригодными стабилизаторами как в жидких, так и в лиофилизированных составах, для защиты белков от физических и химических процессов деградации. Полиолы часто пригодны для коррекции тоничности составов.

Полиолы, пригодные для отдельных вариантов осуществления изобретения, включают маннит, часто используемый для обеспечения структурной стабильности остатка в лиофилизированных составах. Они обеспечивают структурную стабильность остатка. Их, как правило, используют с лиопротектором, например, сахарозой. Сорбит и сахароза находятся среди предпочтительных средств для коррекции тоничности и в качестве стабилизаторов для защиты от воздействия замораживания-размораживания в ходе транспортировки или получения больших количеств в процессе изготовления. Восстанавливающие сахара (которые содержат свободные альдегидные или кетоновые группы), такие как глюкоза и лактоза, могут осуществлять гликирование поверхностных остатков лизина и аргинина. Таким образом, они, как правило, не входят в предпочтительные полиолы для применения в соответствии с изобретением. Кроме того, сахара, которые образуют такие реакционноспособные формы, такие как сахароза, которая гидролизуется до фруктозы и глюкозы в кислых условиях и, следовательно, вызывает гликирование, также не входят в предпочтительные полиолы по изобретению в этом отношении. PEG является пригодным для стабилизации белков и в качестве криопротектора, и его можно использовать в рамках изобретения в этом отношении.

Варианты осуществления составов конструкций антител по изобретению, кроме того, включают поверхностно-активные вещества. Белковые молекулы могут быть подверженными адсорбции на поверхностях и денатурации и последующей агрегации на границах контакта воздух-жидкость, твердое вещество-жидкость и жидкость-жидкость. Эти эффекты, как правило, изменяются обратно концентрации белка. Эти вредоносные взаимодействия, как

правило, изменяются обратно концентрации белка и, как правило, усиливаются при физическом воздействии, таком как воздействие в процессе транспортировки и обработки продукта.

Поверхностно-активные вещества обычно используют для предупреждения, минимизации или снижения поверхностной адсорбции, пригодные поверхностно-активные вещества в рамках изобретения в этом отношении включают полисорбат 20, полисорбат 80, другие сложные эфиры жирных кислот и полиэтоксилатов сорбитана, и поллоксамер 188.

Поверхностно-активные вещества также часто используют для контроля конформационной стабильности белка. Использование поверхностно-активных веществ в этом отношении является специфическим для белка, поскольку любое данное поверхностно-активное вещество, как правило, стабилизирует некоторые белки и дестабилизирует другие.

Полисорбаты являются чувствительными к окислительной деградаци и часто в поставляемой форме содержат достаточные количества пероксидов для обеспечения окисления боковых цепей остатков белка, особенно метионина. Следовательно, полисорбаты следует использовать осторожно и, когда их используют, их следует использовать в их наиболее низкой эффективной концентрации. В этом отношении, полисорбаты иллюстрируют общее правило, состоящее в том, что эксципиенты следует использовать в их наиболее низких эффективных концентрациях.

Варианты осуществления составов конструкции антител по изобретению дополнительно содержат один или несколько антиоксидантов. В некоторой степени вредоносное окисление белков может предупреждаться в фармацевтических составах путем поддержания надлежащих уровней кислорода и температуры окружающей среды и путем избегания воздействия света. Также можно использовать антиоксидантные эксципиенты для предотвращения окислительной деградаци белков. Среди пригодных в этом отношении антиоксидантов находятся восстановители, ловушки кислорода/свободных радикалов и хелатирующие агенты.

Антиоксиданты для применения в терапевтических белковых составах в соответствии с изобретением предпочтительно

растворимы в воде и сохраняют их активность на протяжении срока годности продукта. В этом отношении в соответствии с изобретением предпочтительным антиоксидантом является EDTA.

Антиоксиданты могут повреждать белки. Например, восстановители, в частности, такие как глутатион, могут разрушать внутримолекулярные дисульфидные связи. Таким образом, антиоксиданты для применения в рамках изобретения выбирают, среди прочего, для устранения или достаточного снижения возможности повреждения ими белков в составе.

Составы в соответствии с изобретением могут включать ионы металлов, которые представляют собой кофакторы белков и которые необходимы для формирования координационных комплексов белков, такие как цинк, необходимый для формирования определенных суспензий инсулина. Ионы металлов также могут ингибировать некоторые процессы, которые деградируют белки. Однако ионы металлов также катализируют физические и химические процессы, которые деградируют белки.

Ионы магния (10-120 мМ) можно использовать для ингибирования изомеризации аспарагиновой кислоты в изоаспарагиновую кислоту. Ионы  $\text{Ca}^{+2}$  (вплоть до 100 мМ) могут увеличивать стабильность дезоксирибонуклеазы человека. Однако  $\text{Mg}^{+2}$ ,  $\text{Mn}^{+2}$  и  $\text{Zn}^{+2}$  могут дестабилизировать rh-ДНКазу. Аналогично,  $\text{Ca}^{+2}$  и  $\text{Sr}^{+2}$  могут стабилизировать фактор VIII, он может дестабилизироваться  $\text{Mg}^{+2}$ ,  $\text{Mn}^{+2}$  и  $\text{Zn}^{+2}$ ,  $\text{Cu}^{+2}$  и  $\text{Fe}^{+2}$ , и его агрегация может быть увеличена ионами  $\text{Al}^{+3}$ .

Варианты осуществления составов конструкций антители по изобретению, кроме того, включают один или несколько консервантов. Консерванты необходимы при разработке многодозовых парентеральных составов, которая вовлекает более одного извлечения из одного и того же контейнера. Их основной функцией является ингибирование роста микроорганизмов и обеспечение стерильности продукта на протяжении срока хранения или времени применения лекарственного продукта. Широко используемые консерванты включают бензиловый спирт, фенол и м-крезол. Хотя консерванты имеют длительную историю применения с низкомолекулярными парентеральными средствами, разработка

белковых составов, которые включают консерванты, может быть проблематичной. Консерванты практически всегда обладают дестабилизирующим эффектом (агрегация) на белки, и это стало основным фактором, ограничивающим их применение в многодозовых белковых составах. В настоящее время большинство белковых лекарственных средств составляют только для однократного применения. Однако, когда возможны многодозовые составы, они обладают дополнительным преимуществом, состоящим в обеспечении удобства для пациента и увеличенной рентабельности. Хорошим примером является состав гормона роста человека (hGH), где разработка составов с консервантами привела к коммерческой реализации более удобных многократных шприцов-ручек. В настоящее время на рынке доступно по меньшей мере четыре таких шприца-ручки, содержащих составы hGH с консервантами. Нордитропин (жидкий, Novo Nordisk), Нутропин AQ (жидкий, Genentech) и Генотропин (лиофилизированная двухкамерная кассета, Pharmacia & Upjohn) содержат фенол, в то время как Соматроп (Eli Lilly) составляют с м-крезолом. При составлении и разработке дозированных форм с консервантами необходимо учитывать несколько аспектов. Эффективная концентрация консерванта в лекарственном продукте должна быть оптимизированной. Это требует исследования данного консерванта в дозированной форме с диапазонами концентраций, которые сообщают противомикробную эффективность без нарушения стабильности белка.

Как можно ожидать, разработка жидких составов, содержащих консерванты, является более трудной, чем разработка лиофилизированных составов. Высушенные сублимацией продукты можно лиофилизировать без консерванта и разбавлять содержащим консервант разбавителем во время применения. Это укорачивает время, в течение которого консервант контактирует с белком, значительно минимизируя ассоциированные с этим риски в отношении стабильности. Что касается жидких составов, эффективность и стабильность консерванта должна сохраняться на протяжении всего срока хранения продукта (приблизительно 18-24 месяцев). Важно отметить, что эффективность консерванта должна

проявляться в конечном составе, содержащем активное лекарственное средство и все эксципиентные компоненты.

Конструкция антитела по изобретению, как правило, предназначена для конкретных путей и способов введения, для конкретных вводимых дозировок и частот введения, для конкретных способов лечения конкретных заболеваний, с диапазонами биодоступности и персистирования, среди прочих. Таким образом, составы в соответствии с изобретением могут быть предназначены для доставки любым подходящим путем, включая, но не ограничиваясь ими пероральный, ушной, офтальмологический, ректальный и вагинальный, и парентеральными путями, включая внутривенную и внутриартериальную инъекцию, внутримышечную инъекцию и подкожную инъекцию.

После составления фармацевтической композиции ее можно хранить в стерильных флаконах в качестве раствора, суспензии, геля, эмульсии, твердого вещества, кристалла или в качестве дегидратированного или лиофилизированного порошка. Такие составы можно хранить либо в готовой для применения форме, либо в форме (например, лиофилизированной), которую разбавляют перед введением. Изобретение также относится к наборам для получения единичной дозы для введения. Каждый набор по изобретению может содержать как первый контейнер, имеющий высушенный белок, так и второй контейнер, имеющий водный состав. В определенных вариантах осуществления настоящего изобретения предусматриваются наборы, содержащие однокамерные и многокамерные предварительно заполненные шприцы (например, шприцы с жидкостью и шприцы с лиофилизатом). Терапевтически эффективное количество содержащей конструкцию антитела по изобретению фармацевтической композиции для применения будет зависеть, например, от терапевтической ситуации и задач. Специалисту в данной области будет понятно, что соответствующие уровни дозирования для лечения будут варьировать в зависимости, частично, от доставляемой молекулы, показания для применения конструкции антитела по изобретению, пути введения и размера (масса тела, поверхность тела или размер органа) и/или состояния (возраст и общее состояние здоровья) пациента. В

определенных вариантах осуществления клиницист может титровать дозировку и модифицировать путь введения для получения оптимального терапевтического эффекта. Типичная дозировка может находиться в диапазоне от приблизительно 0,1 мкг/кг вплоть до приблизительно 30 мг/кг или более, в зависимости от факторов, упомянутых выше. В конкретных вариантах осуществления дозировка может находиться в диапазоне от 1,0 мкг/кг вплоть до приблизительно 20 мг/кг, необязательно от 10 мкг/кг вплоть до приблизительно 10 мг/кг, или от 100 мкг/кг вплоть до приблизительно 5 мг/кг.

Терапевтически эффективное количество конструкции антитела по изобретению предпочтительно приводит к уменьшению тяжести симптомов заболевания, к увеличению частоты или продолжительности периодов заболевания без симптомов или предупреждению ухудшения или нестабильности вследствие увеличения тяжести заболевания. Для лечения экспрессирующих CDH19 опухолей, терапевтически эффективное количество конструкции антитела по изобретению, например, конструкции антитела против CDH19/CD3, предпочтительно ингибирует рост клеток или рост опухоли по меньшей мере приблизительно на 20%, по меньшей мере приблизительно на 40%, по меньшей мере приблизительно на 50%, по меньшей мере приблизительно на 60%, по меньшей мере приблизительно на 70%, по меньшей мере приблизительно на 80% или по меньшей мере приблизительно на 90% относительно пациентов без лечения. Способность соединения ингибировать рост опухоли можно оценивать в модели на животных, прогнозирующей эффективность при опухолях человека.

Фармацевтические композиции можно вводить с использованием медицинского устройства. Примеры медицинских устройств для введения фармацевтических композиций описаны в патентах США № 4475196; 4439196; 4447224; 4447233; 4486194; 4487603; 4596556; 4790824; 4941880; 5064413; 5312335; 5312335; 5383851 и 5399163, все из которых включены в настоящее описание в качестве ссылок.

В одном варианте осуществления изобретение относится к конструкции антитела по изобретению или конструкции антитела, полученной способом по изобретению, для применения для

предупреждения, лечения или смягчения меланомы или метастазирующей меланомы.

Также изобретение относится к способу лечения или смягчения меланомы или метастазирующей меланомы, включающему стадию введения индивидууму, нуждающемуся в этом, конструкции по изобретению или конструкции, полученной способом по изобретению.

В предпочтительном варианте осуществления способа применения по изобретению меланома или метастазирующая меланома выбрана из группы, состоящей из поверхностно распространяющейся меланомы, злокачественного лентиго, меланомы типа злокачественного лентиго, акральной лентигинозной меланомы или узловой меланомы.

В следующем варианте осуществления изобретение относится к набору, содержащему конструкцию по изобретению или полученному способом по изобретению, вектору по изобретению, и/или клетке-хозяину по изобретению.

Следует понимать, что изобретение в рамках настоящего изобретения не ограничивается конкретной методологией, протоколами или реагентами, поскольку они могут варьировать. Обсуждение и примеры, представленные в настоящем описании, предоставлены только для цели описания конкретных вариантов осуществления и не предназначены для ограничения объема настоящего изобретения, который определяется только формулой изобретения.

Все публикации и патенты, цитированные на протяжении настоящего описания (включая все патенты, патентные заявки, научные публикации, описания изготовителей, инструкции и т.д.), как выше, так и ниже, включены в настоящее описание в качестве ссылок в полном объеме. Ничто в настоящем описании не следует истолковывать как допущение того, что изобретение не имеет права противопоставлять факт создания изобретения с более ранним приоритетом. Если материал, включенный в качестве ссылки, противоречит или не соответствует описанию, описание имеет преимущество над любым таким материалом.

## ПРИМЕРЫ

Следующие примеры предоставлены для иллюстрации конкретных вариантов осуществления или признаков настоящего изобретения. Эти примеры не следует истолковывать как ограничивающие объем настоящего изобретения. Эти примеры включены для целей иллюстрации и настоящее изобретение ограничивается только формулой изобретения.

### Пример 1 – Полностью человеческие моноклональные антитела против CDH19

#### 1.1 Иммунизация:

Полностью человеческие антитела к кадгерину-19 (CDH19) получали с использованием технологии XENOMOUSE® – трансгенных мышей, созданных для экспрессии разнообразных репертуаров полностью человеческих антител IgGκ и IgGλ соответствующего изотипа. (патенты США № 6114598; 6162963; 6833268; 7049426; 7064244, которые включены в настоящее описание в качестве ссылок в полном объеме; Green *et al.*, 1994, *Nature Genetics* 7:13-21; Mendez *et al.*, 1997, *Nature Genetics* 15:146-156; Green and Jakobovitis, 1998, *J. Ex. Med.* 188:483-495; Kellermann and Green, *Current Opinion in Biotechnology* 13, 593-597, 2002).

Мышей иммунизировали несколькими формами иммуногена кадгерина-19, включая: (1) полноразмерный кадгерин-19 человека и яванского макака ("супо"), (2) секретируемый эктодомен кадгерина-19 (аминокислоты 1-596), и (3) укороченную мембраносвязанную форму кадгерина-19 человека (аминокислоты 1-624). Мышей иммунизировали в течение периода от 8 до 10 недель с 16-18 вспомогательными иммунизациями.

Сыворотки собирали приблизительно через 5 и 9 недель после первой инъекции и титры специфических антител определяли с помощью окрашивания FACS рекомбинантного кадгерина-19, временно экспрессируемого на клетках CHO-S. Было идентифицировано всего 37 животных со специфическим иммунным ответом, этих животных объединяли в 3 группы и использовали для получения антител.

#### 1.2 Получение моноклональных антител

Животных, проявляющих подходящие титры, идентифицировали и получали лимфоциты из дренирующих лимфатических узлов и, если



необходимо, объединяли для каждой группы. Лимфоциты диссоциировали от лимфоидной ткани путем растирания в подходящей среде (например, модифицированная способом Дульбекко среда Игла (DMEM); получаемая от Invitrogen, Carlsbad, CA) для освобождения клеток от тканей, и суспендировали в DMEM. В-клетки отбирали и/или увеличивали в количестве с использованием стандартных способов, и подвергали слиянию с подходящим партнером по слиянию с использованием способов, которые известны в данной области.

После культивирования в течение нескольких суток супернатанты гибридом собирали и подвергали скрининговым анализам, как подробно описано в примерах ниже, включая подтверждение связывания с белком человека и яванского макака, а также способности уничтожать клеточные линии в биоанализах с конъюгатом вторичное антитело-лекарственное средство. Затем гибридомные линии, которые были идентифицированы как обладающие связыванием и представляющими интерес функциональными свойствами, далее отбирали и подвергали стандартным способам клонирования и субклонирования. Клональные линии увеличивали в количестве *in vitro*, и получали секретлируемые антитела человека для анализа, и проводили секвенирование V-генов.

### 1.3 Селекция специфических связывающих рецептор кадгерина-19 антител с помощью FMAT

После культивирования в течение 14 суток супернатанты гибридом подвергали скринингу в отношении CDH19-специфических моноклональных антител с помощью технологии флуориметрического анализа в микрообъеме (FMAT) (Applied Biosystems, Foster City, CA). Супернатанты подвергали скринингу против прикрепляющихся клеток CHO, временно трансфицированных кадгерином-19 человека, и подвергали контрскринингу против клеток CHO, временно трансфицированных той же экспрессирующей плазмидой, которая не содержала ген кадгерина-19.

После множества раундов скрининга была идентифицирована панель из 1570 связывающих кадгерин-19 гибридомных линий, и их использовали для дальнейших анализов для охарактеризации.

Пример 2 - Оценка полностью человеческих моноклональных

антител против CDH19

2.1 Дополнительная охарактеризация связывания с помощью проточной цитометрии (FACS)

Анализы связывания FACS проводили для оценки связывания специфичных к рецептору кадгерина-19 антител с эндогенным рецептором кадгерина-19, экспрессируемым на опухолевых клеточных линиях CHL-1. Кроме того, также с помощью FACS оценивали перекрестное связывание с ортологами кадгерина-19 мыши и яванского макака с использованием рекомбинантных форм различных рецепторов, временно экспрессированных на клетках 293Т.

Анализы FACS проводили путем инкубации супернатантов гибридомом с 10000–25000 клетками в PBS/2% эмбриональной телячьей сыворотке/2 mM хлориде кальция при 4°C в течение одного часа, за которой следовали два промывания PBS/2% эмбриональной телячьей сывороткой/2 mM хлоридом кальция. Затем клетки обрабатывали мечеными флуорохромом вторичными антителами при 4°C, после чего проводили одно промывание. Клетки ресуспендировали в 50 мкл PBS/2% FBS и связывание антител анализировали с использованием устройства FACSCalibur™.

2.2 Скрининг конъюгата антитело-лекарственное средство для полностью человеческих антител, происходящих из гибридом Xenomouse®

Уничтожение клеток посредством конъюгатов антитело-лекарственное средство требует доставки конъюгата в клетку посредством интернализации и катаболизма конъюгата лекарственного средства в форму, которая является токсичной для клетки. Для идентификации антител с этими свойствами, CDH19-положительные клеточные линии (Colo-699 или CHL-1) высевали при низкой клеточной плотности и позволяли им прикрепляться в течение ночи в 384-луночном планшете. Затем к этим клеткам добавляли образцы гибридомом XENOMOUSE®, содержащие полностью человеческие антитела против CDH19, в присутствии высокой концентрации одновалентного Fab козы против Fc человека, конъюгированного с DM1 (DM1-Fab) при относительно низком соотношении лекарственное средство-антитело (DAR) (~1,3).

Клетки инкубировали в течение 96 часов при 37°C и 5% CO<sub>2</sub> в присутствии образцов антител и DM1-Fab. В конце этого времени оценивали жизнеспособность клеток с использованием реагента CellTiter-Glo® Luminescent Cell Viability reagent (Promega) в соответствии с рекомендациями изготовителя.

Пример данных жизнеспособности клеток в случае клеток Colo-699 представлен на фиг.1 и фиг.2. Антитела, способные доставлять DM1-Fab в клетки и ингибировать рост считывали посредством низкого люминесцентного сигнала (RLU). Представляющие наибольший интерес антитела в этом скрининге представлены в нижнем левом углу фиг.1, и они обозначены как незакрашенные круги. Эти антитела использовали в анализе жизнеспособности клеток на клетках CHL-1. Данные о средней жизнеспособности клеток из анализа CHL-1 нанесены на график против данных средней жизнеспособности клеток анализа Colo-699 (фиг.2). Антитела, которые имели активность как в отношении клеток Colo-699, так и в отношении клеток CHL-1, обозначены незакрашенными кругами на левой стороне фиг.2.

Этот анализ проводили одновременно с анализом FACS связывания антител, описанным выше (2.2), и результаты этих двух исследований использовали для отбора антител для дальнейшей охарактеризации. Всего с помощью этих клеточных анализов жизнеспособности анализировали 1570 антител и приблизительно 44 антитела были отобраны на основе уничтожения клеток *in vitro* и/или связывания антител для субклонирования, секвенирования V-генов и экспрессии в рекомбинантной форме для дальнейших анализов охарактеризации, как описано ниже.

Эти 44 антитела вновь анализировали, как в примере 2, и отбирали 19 антител, которые содержали уникальные последовательности. Среди этих 19 антител, 18 антител анализировали и их свойства охарактеризованы в таблице 2 ниже. Данные в этой таблице получали с использованием данных о связываниях в FACS рекомбинантного CDH-19 человека и яванского макака, данных о связывании кальция (Ca<sup>+2</sup>) +/- на трансфектантах 293/CDH-19, связывании с эндогенным CDH-19 на опухолевых

клетках CHL-1 и Colo699 и конкуренции с антителом, обозначаемым в таблице как 4A9. Эти эксперименты обеспечили дальнейшую охарактеризацию для группирования этих антител в 5 групп или типов.

Таблица 2

**Сортировка основной панели с использованием информации о связывании антител**

IID типа	Последовательность LMR/ Ab ID	ID клона	Характеристики типа
1	13589	4A9	Высокое эндогенное связывание, нечувствителен к кальцию, кластеризованная последовательность, умеренный конкурент яванского макака, полный конкурент 4A9
	13591	4F7	
2	13885	19B5	Высокое эндогенное связывание, нечувствителен к кальцию, кластеризованная последовательность, хороший конкурент яванского макака, частичный конкурент 4A9
	13880	25F8	
	13882	26D1	
	13881	26F12= 27B3	
	13878	16H2=2 0D3=23 E7	
	13879	22D1	
3	13877	22G10	Высокое эндогенное связывание, умеренное связывание 293, нечувствителен к кальцию, 2 кластера последовательностей, умеренный конкурент яванского макака,
	13874	17H8=2 3B6=28 D10	
	13883	25G10	
	13875	16C1	

			частичный конкурент 4A9, 22G10 является наилучшим связывающимся антителом данного типа.
4	13590	4B10	Низкое эндогенное и рекомбинантное связывание, чувствителен к кальцию, группа с разнообразными последовательностями, сравнимая конкуренция с яванским макаком, отсутствие конкуренции с 4A9
	13586	4F3	
	13592	4A2	
	13884	23A10	
	13588	2G6	
5	13876	16A4	Наилучшая эндогенная связывающая молекула, умеренная рекомбинантная связывающая молекула, нечувствительна к кальцию, очень слабая конкуренция с яванским макаком, отсутствие конкуренции с 4A9.

Из этих 18 антител было отобрано 8 антител для дальнейшего анализа связывания ими эпитопа, как описано ниже. Для дальнейшего анализа было отобрано по меньшей мере одно репрезентативное антитело каждого типа.

#### Пример 3 – Прогнозирование эпитопов

**Прогнозирование эпитопов по конкуренции с антителом 4A9 и с помощью химер кадгерина-19 человека/мышь**

Способ конкурентного связывания 4A9 был разработан для идентификации антител, которые конкурируют с 4A9 за связывание. В 96-луночных планшетах с V-образным дном (Sarstedt #82.1583.001), 50000 временно трансфицированных клеток 293T инкубировали с 5 мкг/мл очищенных антител против CDH19 в течение 1 ч при 4°C, а затем проводили одно промывание PBS/2%

FBS. Затем в каждую лунку добавляли 25 мкл меченого Alexa647 4A9 в концентрации 5 мкг/мл и планшеты инкубировали в течение 1 часа при 4°C. Затем клетки промывали два раза и количество клеток, связанных с меченым Alexa647 4A9, количественно определяли проточной цитометрией.

Эксперименты включали отрицательные контроли, состоящие только из PBS/2% FBS. Средний сигнал, наблюдаемый в этих экспериментах с отрицательным контролем, принимали как максимальный возможный сигнал для анализа. Антитела сравнивали с этим максимальным сигналом и для каждой лунки вычисляли процентное ингибирование ( $\% \text{ ингибирование} = (1 - (\text{FL4 Geomean с антителами против CDH19} / \text{максимальный сигнал FL4 Geomean}))$ ).

Связывание доменов определяли проточной цитометрией, как описано выше для клеток 293Т, временно трансфицированных плазмидами, состоящими из однократной или двойной замен домена повтора кадгерина CDH19 человека в остове кадгерина-19 мыши, клонированном в экспрессирующий вектор рТТ5, непосредственно перед нативными лидерными последовательностями CDH19 человека или мыши и Flag-меткой (SEQ ID NO: 968). Эксперимент включал анализ антител против CDH19 в отношении кадгерина-19 мыши для определения пригодности для сортировки на этих химерах человека/мыши.

Данные этих экспериментов представлены в таблице ниже, названной следующим образом:

Таблица 3

## Чувствительное к кальцию связывание и обобщение прогнозирования эпитопа

ID клона	Ab ID	Тип	Чувстви- тельное к Ca <sup>2+</sup> связывание	Конкури- рует с 4A9 (13589)	Hu	Hu	Hu	Hu	Hu	Hu	Hu	Hu	Mu	Прогно- зируемая область эпитопа
					EC1 -5	EC1 EC1	EC1 -2	EC 2	EC2 -3	EC 3	EC4 -5	EC5 EC5	EC1- 5	
					A	B	C	D	E	F	G	H	I	
4A9	13589	1	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	44-141
	14056	1	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
	14057	1	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
25F8	13880	2	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
	14094	2	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
	14096	2	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
26D1	13882	2	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
	14088	2	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
17H8	13874	3	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
	14045	3	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
	14048	3	Нет	Да	+	+	+	-	-	-	-	-	-	
4A2	13592	4	Да	Нет	+	-	-	-	+	+	-	-	-	250-364
	14026	4	Да	Нет	+	-	-	-	+	+	-	-	-	





**Легенда таблицы 3****Химерные конструкции человека и/или мыши**

A = huCDH19(44-772) (см. SEQ ID NO: 944)

B = huCDH19(44-141)::muCDH19(140-770) (см. SEQ ID NO: 952)

C = huCDH19(44-249)::muCDH19(248-770) (см. SEQ ID NO: 954)

D = muCDH19(44-139)::huCDH19(142-249)::muCDH19(248-770)  
(см. SEQ ID NO: 956)

E = muCDH19(44-139)::huCDH19(142-364)::muCDH19(363-770)  
(см. SEQ ID NO: 958)

F = muCDH19(44-247)::huCDH19(250-364)::muCDH19(363-770)  
(см. SEQ ID NO: 960)

G = muCDH19(44-362)::huCDH19(365-772) (см. SEQ ID NO: 962)

H = muCDH19(44-461)::huCDH19(464-772) (см. SEQ ID NO: 964)

I = muCDH19(44-770) (см. SEQ ID NO: 966)

**Прогнозирование эпитопов с помощью химер кадгерина-19 человека/курицы**

Связывание доменов определяли проточной цитометрией клеток 293Т, временно трансфицированных плазмидами, содержащими единичную замену домена повтора кадгерина CDH19 человека в остове кадгерина-19 курицы, клонированном в экспрессирующий вектор рТТ5 непосредственно перед нативными лидерными последовательностями CDH19 человека или курицы и Flag-меткой. Эксперимент включал анализ подгруппы антител против CDH19 в отношении кадгерина-19 курицы для определения пригодности для сортировки на этих химерах человека/курицы.

Следующий анализ связывания проводили в присутствия 2 мМ CaCl<sub>2</sub>. В 96-луночных планшетах с V-образным дном (Costar 3897) 50000 временно трансфицированных клеток 293Т инкубировали с 5 мкг/мл очищенных антител против CDH19 в течение 1 ч при 4°C, а затем проводили два промывания PBS/2% FBS. Затем в каждую лунку добавляли 50 мкл меченого Alexa647 вторичного антитела против IgG человека (Jackson Immuno 109-605-098) в концентрации 5 мкг/мл и 7AAD (Sigma A9400) в концентрации 2 мкг/мл и планшеты инкубировали в течение 15 минут при 4°C. Затем клетки промывали один раз и количество связанного с клетками меченого Alexa647 Ab определяли проточной цитометрией. Эксперименты включали

контроли с имитирующей трансфекцией. Данные этих экспериментов представлены в таблице ниже, n.d. = не определено.

Таблица 4

## Обобщение прогнозирования эпитопов для типа антител С

ID клона	Ab. ID	Bin	Hu	Ck	Hu	Hu	Hu	Hu	Спрогно- зирова- ная область эпитопа
			EC1- 5	EC1- 5	EC1	EC2	EC3	EC5	
			A	J	K	L	M	O	
4A9	13589	1	+	-	+	-	-	-	44-141 Тип А
26F12	13881	2	+	-	+	-	-	-	
25F8	14096	2	+	-	+	-	-	-	
26D1	13882	2	+	-	+	-	-	-	
17H8	13874	3	+	-	+	-	-	-	
16A4	14071	5	+	-	+	-	-	-	
4A2	13592	4	+	-	-	-	+	-	250-364 Тип В
4B10	13590	4	+	-	-	-	+	-	
2G6	13588	4	+	-	-	-	+	-	
23A10	14077	4	+	-	-	-	+	-	
Антитело крысы против FLAG			+	+	+	+	+	+	контроль

Положительное связывание (+)

Отрицательное связывание (-)

## Легенда таблицы 4

## Химерные конструкции человека и/или курицы

A = huCDH19(44-772) (см. SEQ ID NO: 944)

J = ckCDH19(44-776) (см. SEQ ID NO: 1451)

K = huCDH19(44-141)::ckCDH19(142-776) (см. SEQ ID NO: 1452)

L = ckCDH19(44-141)::huCDH19(142-249)::ckCDH19(250-776)  
(см. SEQ ID NO: 1453)

M = ckCDH19(44-249)::huCDH19(250-364)::ckCDH19(365-776)  
(см. SEQ ID NO: 1454)

N = ckCDH19(44-364)::huCDH19(365-463)::ckCDH19(469-776)  
(см. SEQ ID NO: 1455)

O = ckCDH19(44-468)::huCDH19(464-772) (см. SEQ ID NO:  
1456)

**Прогнозирование эпитопов с помощью химер кадгерина-19  
макака/собаки или крысы/макака**

Связывание доменов определяли проточной цитометрией на клетках 293Т, временно трансфицированных плазмидами, состоящий из замен домена повтора кадгерина CDH19 макака резус или сегментов домена 1 (обозначаемых EC1a, EC1b, EC1c) в остове кадгерина 19 собаки, или замен домена повтора 2 кадгерина CDH19 крысы в остове кадгерина-19 крысы, клонированном в экспрессирующий вектор рТТ5 непосредственно перед нативными лидерными последовательностями CDH19 макака резус или собаки и Flag-меткой. Эксперимент включал анализ подгруппы антител против CDH19 в отношении кадгерина-19 собаки, крысы и макака для определения пригодности для сортировки на этих химерах макака/собаки и крысы/резус.

Следующий анализ связывания проводили в присутствии 2 мМ CaCl<sub>2</sub>. В 96-луночных планшетах с V-образным дном (Costar 3897) 50000 временно трансфицированных клеток 293Т инкубировали в 5 мкг/мл очищенных антител против CDH19 в течение 1 ч при 4°C, а затем проводили два промывания PBS/2% FBS. Затем в каждую лунку добавляли 50 мкл меченого Alexa647 вторичного антитела против IgG человека (Jackson Immuno 109-605-098) в концентрации 5 мкг/мл и 7AAD (Sigma A9400) в концентрации 2 мкг/мл и планшеты инкубировали в течение 15 минут при 4°C. Затем клетки промывали один раз и количество клеток, связанных с меченым Alexa647 Ab, определяли проточной цитометрией. Эксперименты включали контроли с имитирующей трансфекцией. Данные из этих экспериментов представлены в таблице ниже, n.d. = не определено.

## Обобщение прогнозирования эпитопов типа А

			Rh EC1-5	Ca EC1-5	rh EC1	rh EC1a	rh EC1b	ra EC2	Ra EC1-5	
ID клона	Ab. ID	Тип	P	Q	R	S	T	V	W	Спрогно- зированной об- ласть эпитопа
4A9	13589	1	+	-	+	-	-	-	-	44-141, тип А.1
26F12	13881	2	+	-	+	+	+	-	-	44-141, тип А.2 (44-114)
25F8	14096	2	+	-	+	+	+	-	-	
26D1	13882	2	+	-	+	+	+	-	-	
17H8	13874	3	+	-	+	+	-	-	-	44-141, тип А.3
16A4	14071	5	+	-	+	+	-	n.d.	+	(44-65)
4A2	13592	4	+	-	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	+	250-364, тип В
4B10	13590	4	+	+	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	+	
2G6	13588	4	+	+	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	+	
23A10	14077	4	+	+	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	+	
Антитело крысы против FLAG			+	+	+	+	+	+	+	

Положительное связывание (+)

Отрицательное связывание (-)

Не определено (n.d.)

### Легенда таблицы 5

#### Конструкции химер макака резус, собаки и/или крысы

P = rhCDH19(44-772) (см. SEQ ID NO: 1457)

Q = caCDH19(44-770) (см. SEQ ID NO: 1458)

R = rhCDH19(44-141)::caCDH19(141-770) (см. SEQ ID NO: 1459)

S = rhCDH19(44-65)::caCDH19(65-770) (см. SEQ ID NO: 1460)

T = caCDH19(44-87)::rhCDH19(89-114)::caCDH19(115-770) (см. SEQ ID NO: 1461)

U = caCDH19(44-120)::rhCDH19(122-137)::caCDH19(137-770) (см. SEQ ID NO: 1462)

V = rhCDH19(44-141)::raCDH19(140-247)::rhCDH19(250-772) (см. SEQ ID NO: 1463)

W = raCDH19(44-770) (см. SEQ ID NO: 1464)

Данные, обобщенные в таблице 5, обеспечили сегрегацию связывающих соединений типа А 44-141 на следующие подгруппы:

Bin A.1 44-141

Bin A.2 44-141 (44-114)

Bin A.3 44-141 (44-65)

#### **Прогнозирование эпитопов с помощью химер кадгерина-19 крысы/мышы или человека/мышы**

Связывание доменов определяли проточной цитометрией на клетках 293Т, временно трансфицированных плазмидами, состоящими из замен домена повтора 3 кадгерина CDH19 крысы (обозначаемых как ЕС3а, ЕС3b) или замены домена повтора 3 кадгерина CDH19 человека (обозначаемой как ЕС3с) в остове кадгерина-19 человека, клонированном в экспрессирующий вектор рТТ5 непосредственно перед нативной лидерной последовательностью CDH19 мышы и Flag-меткой. Эксперимент включал анализ подгруппы антител против CDH19 в отношении кадгерина-19 человека, крысы и мышы для определения пригодности для сортировки на этих химерах крысы/мышы и человека/мышы.

Следующий анализ связывания проводили в присутствии 2 мМ CaCl<sub>2</sub>. В 96-луночных планшетах с V-образным дном (Costar 3897) 50000 временно трансфицированных клеток 293Т инкубировали с 5 мкг/мл очищенных антител против CDH19 в течение 1 ч при 4°C, после чего проводили два промывания PBS/2% FBS. Затем в каждую лунку добавляли 50 мкл меченого Alexa647 вторичного антитела против IgG человека (Jackson Immuno 109-605-098) в концентрации 5 мкг/мл и 7AAD (Sigma A9400) в концентрации 2 мкг/мл и планшеты инкубировали в течение 15 минут при 4°C. Затем клетки промывали один раз и количество клеток, связанных с меченым Alexa647 Ab, количественно определяли проточной цитометрией.

Эксперименты включали контроли с имитирующей трансфекцией. Данные из этих экспериментов представлены в таблице ниже, n.d. = не определено.

Таблица 6

## Обобщение прогнозирования эпитопов антител типа В

ID клона	Ab. ID	Тип	Hu EC1-5		Mo EC1- 5		Ra EC1- 5		Ra EC3c EC3b		Hu EC3a		Спрогно- зированной область эпитопа
			A	I	W	X	Y	Z					
4A9	13589	1	+	-	-	n.d.	n.d.	n.d.					44-141 Тип А
26F12	13881	2	+	-	-	n.d.	n.d.	n.d.					
25F8	14096	2	+	-	-	n.d.	n.d.	n.d.					
26D1	13882	2	+	-	-	n.d.	n.d.	n.d.					
17H8	13874	3	+	-	-	n.d.	n.d.	n.d.					
16A4	14071	5	+	-	+	n.d.	n.d.	n.d.					
4A2	13592	4	+	-	+	+	-	-					250-364 (324- 327) тип В.2
4B10	13590	4	+	-	+	+	-	-					
2G6	13588	4	+	+	+	+	+	+					250-364 тип В.1
23A10	14077	4	+	+	+	n.d.	n.d.	n.d.					
Антитело крысы против FLAG			+	+	+	+	+	+					контроль

Положительное связывание (+)

Отрицательное связывание (-)

Не определено (n.d.)

## Легенда таблицы 6

## Химерные конструкции крысы/мышь или человека/мышь

A = huCDH19(44-772) (см. SEQ ID NO: 944)

I = muCDH19(44-770) (см. SEQ ID NO: 966)

W = raCDH19(44-770) (см. SEQ ID NO: 1464)

X = muCDH19(44-323)::raCDH19(324-327)::muCDH19(328-770)  
(см. SEQ ID NO: 1465)

Y = muCDH19(44-770)::raCDH19(290299308) (см. SEQ ID NO: 1466)

Z = muCDH19(44-770)::huCDH19(271) (см. SEQ ID NO: 1467)

Данные, обобщенные в таблице 6, обеспечили сегрегацию связывающих соединений типа В 250-364 на следующие подгруппы:

Тип В.1 250-364

Тип В.2 250-364 (324-327) согласно нумерации для грызунов, представленной в таблице 6, соответствующий остаткам (326-329) в CDH19 человека и макака.

#### Пример 4 – Мутации горячей точки/ковариантные мутации

Всего 18 антител анализировали в отношении потенциальных горячих точек и ковариационных противоречий. В сконструированных вариантах (представленных ниже) приведены аминокислотные замены, способные снижать и/или предотвращать изомеризацию, дезамидацию, окисление, ковариационные противоречия и т.п. 80 сконструированных вариантов с 15 родительскими антителами, таким образом, всего составляющих 95 последовательностей, использовали далее для процессов клонирования, экспрессии и очистки. Сайт-направленный мутагенез сконструированных вариантов проводили в 96-луночном формате. Родительские антитела и сконструированные варианты экспрессировали путем высокопроизводительной временной трансфекции в клетках НЕК 293-6Е, очищали с использованием модифицированного автоматического дозатора АКТА и анализировали в отношении активности и биофизических характеристик. 3 родительских антитела, которые имели либо свободный (непарный) Cys, либо участок N-гликозилирования не использовали в этом процессе. Их заменяли модифицированной способами инженерии версией родительских антител. В сконструированных вариантах приведены аминокислотные замены, способные снижать и/или предотвращать изомеризацию, дезамидацию, окисление, ковариационные противоречия и т.п. Будет понятно, что эти варианты последовательностей являются примерами сконструированных антител как это определяется в настоящей заявке, однако единичные точковые мутации и/или множественные точковые мутации можно комбинировать любым комбинаторным

способом для получения конечной желаемой антигенсвязывающей молекулы или антитела.

#### Пример 5 – Профиль экспрессии мРНК CDH19

РНК экстрагировали из отдельных тканей пациентов, соответствующих опухоли (содержание опухоли >70% по количеству клеток) или норме (содержание опухоли 0% по количеству клеток). Отдельные ткани гомогенизировали с использованием TissueLyzer (Qiagen, Valencia, CA) и тотальную РНК экстрагировали и очищали с помощью набора для экстракции тотальной РНК *mirVana* (Life Technologies, Foster City, CA). Качество и количество РНК проверяли с помощью данных, полученных на спектрофотометре NanoDrop (NanoDrop, Wilmington, DE), и определения профиля РНК с помощью Bioanalyzer (Agilent Technologies, Santa Clara, CA). РНК обрабатывали ДНК-азой с помощью не содержащего ДНК набора (Life Technologies, Foster City, CA) и подвергали обратной транскрипции в соответствии с описаниями изготовителя с использованием случайных гексамеров в наборе для обратной транскрипции кДНК High Capacity cDNA Reverse Transcription Kit (Life Technologies, Foster City, CA). Проводили количественную полимеразную цепную реакцию в реальном времени (qRT-ПЦР) для кДНК с использованием праймеров к CDH19, набора зондов Hs00253534\_m1, (Life Technologies, Foster City, CA), или к гену домашнего хозяйства *ACTB* человека (праймеры CCT GGC ACC CAG CAC AA; GCC GAT CCA CAC GGA GTA CT; зонд ATC AAG ATC ATT GCT CCT CCT GAG CG), 10 мкл компонентов реакции qRT-ПЦР; 1,0 нг/мкл кДНК, 2xUniversal PCR Master Mix (Life Technologies, Foster City, CA), смеси для анализа экспрессии генов (*ACTB*; 75 нМ праймеры, 150 нМ зонд. EPOR; 300 нМ праймеры, 250 нМ зонд). Следовали программе амплификации qRT-ПЦР: (1) активация при 50°C в течение 2 мин; (2) денатурация при 95°C в течение 10 мин; (3) амплификация в течение 40 циклов при 95°C в течение 15 с и 60°C в течение 1 мин с определением флуоресценции на каждой стадии (ABI PRISM 7900HT Sequence Detection Systems, Applied Biosystems). Пороговые величины цикла ( $C_T$ ) определяли с использованием программного обеспечения Sequence Detector версии 2.3 (Applied Biosystems) и трансформировали в  $2^{-\Delta C_T}$  для



относительной экспрессии специфического транскрипта CDH19 в АСТВ. Результаты представлены на фиг.3. Среди 54 уникальных образцов метастазирующей и первичной меланомы, для большинства можно наблюдать, что они сверхэкспрессируют мРНК CDH19 относительно экспрессии в образцах из нормальной ткани.

#### Пример 6 – экспрессия белка CDH19

Экспрессию белка CDH19 анализировали в образцах опухоли человека с помощью ИНС и результаты представлены на фиг.4. Образцы фиксировали в 10% нейтральном забуференном формалине в течение 24 часов, дегидратировали и заливали парафином. Делали срезы толщиной 4 мкм. Срезы сначала депарафинизировали, а затем нагревали в растворе DIVA Decloaker solution (Biocare) в течение 40 минут для извлечения антигена. Остальные стадии ИНС проводили при комнатной температуре в DAKO Autostainer. Срезы инкубировали в течение 10 минут с Peroxidized 1 (Biocare) для блокирования эндогенной пероксидазы, а затем инкубировали в течение 10 минут с Background Sniper (Biocare) для уменьшения неспецифического фона. Срезы инкубировали в течение 60 минут с антителом против CDH19 (Novo Biologicals, каталожный номер № H00028513-B01P) в концентрации 5 мкг/мл, затем инкубировали в течение 30 минут с полимером против антител мыши Envision+ HRP (DAKO), а затем с DAB+ (DAKO) в течение 5 минут. Срезы подвергали контрастному окрашиванию гематоксилином (DAKO) приблизительно в течение 1 минуты. Экспрессию CDH19 можно было обнаружить в 62% исследованных опухолей (интенсивность окрашивания  $\geq 1+$  в 101 из 162 образцов). 51% образцов опухоли продемонстрировали от средней до высокой экспрессии (интенсивность окрашивания от 2+ до 3+ в 83 из 162 образцов). CDH19 продемонстрировал интенсивное и отчетливое окрашивание мембраны во многих образцах, хотя в некоторых опухолях отмечали гетерогенность.

#### Пример 7 – Выбор модельных клеточных линий

Опухолевые клеточные линии анализировали проточной цитометрией и ИНС для идентификации модельных систем с экспрессией CDH19, сходной с экспрессией в опухолях человека. IgG4-антитело человека 4A2 против huCDH19 очищали

непосредственно из кондиционированной гибридомой среды. Для проточной цитометрии  $2 \times 10^5$  клеток инкубировали с 200 нМ антитела 4A2 против CDH19, которое было конъюгировано с PE в соотношении 1:1. Инкубацию и последующие стадии промывания проводили в присутствии 1,2 мМ кальция. Одновременно приготавливали пробирку с лиофилизированными гранулами QuantiBRITE PE с четырьмя уровнями PE (BD, каталожный номер № 340495) в соответствии с инструкциями изготовителя. Гранулы анализировали проточной цитометрией с получением стандартной кривой. Затем средние величины PE, полученные для линий меланомы после анализа FACS, откалибровывали против стандартной кривой для вычисления количества связавшихся антител на клетку (ABC), что обеспечивает оценку количества рецепторов на каждой клетке. ИНС проводили, как описано в примере 6, и результаты представлены на фиг.5. Клеточная линия меланомы CHL-1 экспрессирует приблизительно 10000 молекул CDH19 на клеточной поверхности, в то время как клетки Colo699 экспрессируют приблизительно 5000 рецепторов. Обе клеточных линии соответствуют опухолям с уровнями экспрессии от средних до высоких, исходя из ИНС. Экспрессия в A2058 является очень низкой, в то время как клетки LOX не экспрессируют какого-либо поддающегося обнаружению белка CDH19.

#### Пример 8 - Биспецифическое связывание и межвидовая перекрестная реактивность

Для подтверждения связывания с CDH19 человека и с CD3 человека и макака, биспецифические антитела исследовали проточной цитометрией с использованием указанных клеточных линий. В качестве положительных по антигену клеточных линий использовали L1.2, трансфицированную CDH19 человека, клеточные линии меланомы человека CHL-1 и A2058, экспрессирующие нативный CDH19 человека, экспрессирующую CD3 клеточную линию Т-клеточного лейкоза человека HPB-ALL (DSMZ, Braunschweig, ACC483) и экспрессирующую CD3 Т-клеточную линию макака 4119LnPx (Knappe A, et al., Blood, 2000, 95, 3256-3261). Более того, в качестве отрицательного контроля использовали нетрансфицированные клетки L1.2.

Для проточной цитометрии 200000 клеток соответствующих клеточных линий инкубировали в течение 30 мин на льду с 50 мкл очищенного биспецифического антитела в концентрации 5 мкг/мл. Клетки промывали два раза в PBS/2% FCS и связывание конструкций выявляли с помощью антитела мыши против PentaHis (Qiagen; разбавленное 1:20 в 50 мкл PBS/2% FCS). После промывания связавшиеся антитела против PentaHis обнаруживали с помощью специфического к Fc-гамма антитела (Dianova), конъюгированного с фикоэритрином, разбавленного 1:100 в PBS/2% FCS. Образцы измеряли проточной цитометрией на устройстве FACSCanto II и анализировали с помощью программного обеспечения FACSDiva (оба от Becton Dickinson).

Биспецифические антитела против CDH19/CD3 окрашивали клетки L1.2, трансфицированные CDH19 человека, экспрессирующие CDH19 человека клеточные линии CHL-1 и A2058, а также Т-клетки человека и макака. Более того, отсутствовало окрашивание нетрансфицированных клеток L1.2 (см. фиг.6).

#### Пример 9 - Цитотоксическая активность

Анализ цитотоксичности на основе FACS с нестимулированными PBMC человека.

#### **Выделение эффекторных клеток**

Мононуклеарные клетки периферической крови (PBMC) человека получали центрифугированием в градиенте плотности Ficoll из препаратов увеличенных в количестве лимфоцитов (например, лейкоцитарные пленки), побочного продукта банков крови, собирающих кровь для переливания. Лейкоцитарная пленка была предоставлена местным банком крови и PBMC получали в день сбора крови. После центрифугирования в градиенте плотности Ficoll и тщательного промывания PBS Дульбекко (Gibco), оставшиеся эритроциты извлекали из PBMC посредством инкубации с буфером для лизиса эритроцитов (155 мМ NH<sub>4</sub>Cl, 10 мМ KHCO<sub>3</sub>, 100 мкМ EDTA). Тромбоциты извлекали в супернатанте путем центрифугирования PBMC при 100 x g. Остальные лимфоциты в основном охватывают В и Т-лимфоциты, NK-клетки и моноциты. PBMC содержали в культуре при 37°C/5% CO<sub>2</sub> в среде RPMI (Gibco) с 10% FCS (Gibco).

### **Истощение CD14<sup>+</sup> и CD56<sup>+</sup> клеток**

Для истощения CD14<sup>+</sup> клеток использовали MicroBeads с CD14 человека (Miltenyi Biotec, MACS, #130-050-201), для истощения NK-клеток использовали MicroBeads с CD56 человека (MACS, #130-050-401). РВМС подсчитывали и центрифугировали в течение 10 мин при комнатной температуре при 300 x g. Супернатант отбрасывали и клеточный осадок ресуспендировали в буфере для выделения MACS [80 мкл/10<sup>7</sup> клеток; PBS (Invitrogen, #20012-043), 0,5% (об./об.) FBS (Gibco, #10270-106), 2 мМ EDTA (Sigma-Aldrich, #E-6511)]. Добавляли MicroBeads с CD14 и MicroBeads с CD56 (20 мкл/10<sup>7</sup> клеток) и инкубировали в течение 15 мин при 4-8°C. Клетки промывали буфером для выделения MACS (1-2 мл/10<sup>7</sup> клеток). После центрифугирования (см. выше), супернатант отбрасывали и клетки ресуспендировали в буфере для выделения MACS (500 мкл/10<sup>8</sup> клеток). Затем отрицательные по CD14/CD56 клетки выделяли с использованием LS Columns (Miltenyi Biotec, #130-042-401). РВМС без клеток CD14<sup>+</sup>/CD56<sup>+</sup> культивировали в полной среде RPMI т.е. RPMI1640 (Biochrom AG, #FG1215), дополненной 10% FBS (Biochrom AG, #S0115), 1x неосновными аминокислотами (Biochrom AG, #K0293), 10 мМ буфером HEPES (Biochrom AG, #L1613), 1 мМ пируватом натрия (Biochrom AG, #L0473) и 100 Е/мл пенициллина/стрептомицина (Biochrom AG, #A2213) при 37°C в инкубаторе, пока не потребуются.

### **Мечение клеток-мишеней**

Для анализа лизиса клеток с использованием проточной цитометрии использовали флуоресцентный мембранный краситель DiOC<sub>18</sub> (DiO) (Molecular Probes, #V22886) для мечения CD19-клеток человека в качестве клеток-мишеней и дифференциации их от эффекторных клеток. В кратком изложении, клетки собирали, промывали один раз PBS и доводили до 10<sup>6</sup> клеток/мл в PBS, содержащем 2% (об./об.) FBS и мембранный краситель DiO (5 мкл/10<sup>6</sup> клеток). После инкубации в течение 3 мин при 37°C клетки промывали два раза в полной среде RPMI и количество клеток доводили до 1,25×10<sup>5</sup> клеток/мл. Жизнеспособность клеток определяли с использованием 0,5% (об./об.) изотонического

раствора EosinG (Roth, #45380).

### **Анализ на основе проточной цитометрии**

Этот анализ был предназначен для количественного определения лизиса трансфицированных CDH19 человека клеток CHO в присутствии серийных разведений биспецифических антител против CDH19.

Равные объемы меченных DiO клеток-мишеней и эффекторных клеток (т.е. PBMC без клеток CD14<sup>+</sup>) смешивали с получением соотношения клеток E:T, равного 10:1. 160 мкл этой суспензии переносили в каждую лунку 96-луночного планшета. Добавляли 40 мкл серийных разведений биспецифических антител против CDH19 и отрицательного контрольного биспецифического антитела (биспецифическое антитело на основе CD3, распознающее посторонний антиген-мишень) или полной среды RPMI в качестве дополнительного отрицательного контроля. Опосредуемая биспецифическим антителом цитотоксическая реакция протекала в течение 48 часов в инкубаторе с увлажнением с 7% CO<sub>2</sub>. Затем клетки переносили в новый 96-луночный планшет и проводили мониторинг утраты целостности клеток-мишеней путем добавления йодида пропидия (PI) в конечной концентрации 1 мкг/мл. PI представляет собой не проникающий через мембрану краситель, который обычно исключается из жизнеспособных клеток, в то время как погибшие клетки захватывают его и становятся поддающимися идентификации по испусканию флуоресценции.

Образцы измеряли проточной цитометрией на устройстве FACSCanto II и анализировали с помощью программного обеспечения FACSDiva (оба от Becton Dickinson).

Клетки-мишени идентифицировали в качестве положительных по DiO клеток. Отрицательные по PI клетки-мишени классифицировали как живые клетки-мишени. Процентную цитотоксичность вычисляли по следующей формуле:

$$\text{Цитотоксичность [\%]} = \frac{n_{\text{погибшие клетки-мишени}}}{n_{\text{клетки-мишени}}} \times 100$$

n = число случаев

С использованием программного обеспечения GraphPad Prism 5 (Graph Pad Software, San Diego) процентную цитотоксичность

наносили на график против соответствующих концентраций биспецифических антител. Кривые доза-эффект анализировали с помощью четырехпараметрических моделей логистической регрессии для оценки сигмовидных кривых доза-эффект с фиксированным наклоном кривой, и вычисляли величины EC50. Результаты представлены на фиг.7.

Пример 10 - Эксперименты по ингибированию роста опухоли *In vivo*

5 миллионов опухолевых клеток Colo699 или CHL-1 смешивали с 2,5 миллионами свежесыведенных мононуклеарных клеток периферической крови (PBMC) и инъецировали подкожно в левый бок самок бестимусных мышей на 0 сутки. В тот же день мышам внутрибрюшинно вводили либо CDH19 ViTE 2G6, либо неспецифическое контрольное ViTE (MEC14) в указанных дозах. В течение первых 10 суток после инокуляции опухоли дозирование продолжали каждые сутки.

Объемы опухоли и массу опухоли измеряли два раза в неделю с использованием толщиномера и аналитических весов, соответственно.

Результаты экспериментов с клетками опухоли Colo699 или CHL-1 представлены на фиг.8 и 9.

Пример 11 - Цитотоксическая активность

Анализ цитотоксичности на основе визуализации с нестимулированными Т-клетками человека

**Эффекторные клетки**

Очищенные наивные Т-клетки человека получали от AllCells LLC, Alameda, США.

**Анализ данных визуализации**

Этот анализ измеряет опосредуемый Т-клетками лизис клеток меланомы. Клетки 3000 A2058 (положительные по CDH19) или клетки 2500 LOX IMVI (отрицательные по CDH19) объединяют с наивными Т-клетками человека в соотношении 1:10 в лунках 384-луночных планшетов. После добавления серийных разведений нацеленных на CDH19 молекул ViTE, а также отрицательного контрольного биспецифического антитела (биспецифическое антитело на основе CD3, распознающее посторонний антиген-мишень), клетки

инкубируют в течение 48 ч при 37°C. Далее образцы обрабатывают в течение 2 ч посредством 30 мкм Hoechst 33342 для окрашивания ядер всех клеток и 2 мкм йодида пропидия (PI) для идентификации погибших клеток.

Получение и анализ изображений проводят на ThermoFisher ArrayScan с объективом 10x. Получают данные для двух каналов: при 386 нм (Hoechst 33342) и при 549 нм (йодид пропидия).

Живые клетки идентифицируют как положительные по Hoechst, отрицательные по PI случаи, погибшие клетки идентифицируют как положительные по Hoechst, положительные по PI случаи.

Процентную цитотоксичность определяют, как описано в примере 7. Репрезентативные результаты представлены на фиг.10.

Пример 12 - Определение специфичности к доменам и биохимической аффинности биспецифических связывающих соединений

#### **Очистка субдоменов CDH19, лишенных посттрансляционных модификаций**

Иницирующий кодон метионина, за которым следовали нуклеотидные последовательности, кодирующие субдоменный белок CDH19 A= huCDH19 (140-367 SEQ ID NO:944), непосредственно перед линкером G<sub>4</sub>S и полигистидиновой меткой, клонировали в подходящий вектор pET; в то время как нуклеотидные последовательности, кодирующие субдоменные белки B= huCDH19 (44-367 SEQ ID NO:944) и C=rhCDH19 (44-367 SEQ ID NO:1457) клонировали в вектор pET-SUMO (Life Technologies, Invitrogen) способами, известными в данной области. Каждый белок экспрессировали в *E coli*, выделяли из растворимой фракции и очищали до гомогенности металл-хелатирующей аффинной хроматографией, за которой следовал анионный обмен и эксклюзионная хроматография в забуферном посредством HEPES солевом растворе, 3 mM CaCl<sub>2</sub>, pH 8. В субдоменном белке A сохраняли его линкер и C концевую полигистидиновую метку, однако метки SUMO, являющиеся элементами N-концов белков B и C, удаляли путем расщепления протеазой SUMO (Life Technologies, Invitrogen) перед анионным обменом. С использованием ESI LC/MS было определено, что все белки имеют их ожидаемую молекулярную массу. Белки, использованные в экспериментах по связыванию,

описанных ниже, случайным образом биотинилировали типичными способами, известными в данной области.

#### **Очистка субдоменов CDH19 с посттрансляционными модификациями**

Субдоменные белки CDH19 D= huCDH19 (44-367 SEQ ID NO:944) и E= rhCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 1457) получали путем клонирования нуклеотидных последовательностей, кодирующих соответствующие аминокислотные остатки 1-367, в вектор pSURETech235b (Selexis), каждому из которых непосредственно предшествовал линкер G<sub>4</sub>S и полигистидиновая метка, трансфицировали в клетки CHO-S (Life Technologies, Invitrogen) и получали стабильные объединенные фракции после селекции с гигромицином способами, известными в данной области. Стабильные объединенные фракции увеличивали в количестве и кондиционированную среду собирали после культивирования в течение 7 суток в бессывороточной среде. CM заменяли на UF/DF с 5 диафильтрационными объемами забуференного HEPES солевого раствора с CaCl<sub>2</sub> с использованием мембраны 10K PES Pellicon 2 размером 1 кв.фут (0,1 кв. метр) и очищали до гомогенности, как описано выше. В субдоменных белках CDH19 D и E сохраняли являющиеся их компонентами линкер и С-концевые полигистидиновые метки. Определили, что N-концевая последовательность каждого белка представляет собой G44, как и ожидалось, в то время как ESI LC/MS очищенных белков по сравнению с белками, подвергнутыми расщеплению PNG-азой F, показала присутствие как N-, так и O-связанных гликанов. Белки, использованные в экспериментах по связыванию, описанных ниже, случайным образом биотинилировали способами, хорошо известными в данной области.

#### **Способы определения аффинности связывания с использованием Octet**

Биосенсор Octet RED384 использовали для охарактеризации кинетики и аффинности белок-белковых взаимодействий. Белки-мишени А-Е с минимально биотинилированным доменом CDH19 связывали со стрептавидиновыми наконечниками в устройстве, между тем как проводили серийные разведения анализируемых биспецифических связывающих белков в 96-луночных или 384-



луночных планшетах. При разработке анализа было выявлено, что эмпирические условия нагрузки мишени представляют собой концентрацию мишени 10–20 нМ и нагрузку в течение 600 секунд для получения сигнала 2 нМ. Эксперименты по связыванию проводили путем получения планшета с серийными разведениями 1:3 с 6 точками (таблицы 7–9) или 3 точками (таблица 10) из исходной концентрации каждого анализируемого соединения 30 нМ, причем две эталонных лунки на колонку имели только буфер. Буфер Octet: 10 мМ HEPES (pH 7,5), 150 мМ NaCl, +/-1 мМ CaCl<sub>2</sub>, 0,13% Triton X-100 и 0,10 мг/мл BSA. Дополнительные лунки исходного уровня и лунки диссоциации в планшете также содержали только буфер. Способ связывания был следующим: стрептавидиновые наконечники ForteBio Octet (1) погружали в буфер на 10 минут; (2) переносили в лунки планшета исходного уровня и инкубировали в течение 5 минут; (3) переносили в лунки для нагрузки мишенью и инкубировали в течение 10 минут; (4) переносили в лунки планшета исходного уровня и инкубировали в течение 5 минут; (5) переносили в лунки для образца и инкубировали в течение 5 минут (таблица 9) или 20 минут (таблицы 7, 8, 10); (6) переносили в лунки для диссоциации и инкубировали в течение 8,3 минут (таблица 9) или 1,5 ч (таблицы 7, 8, 10). Исходные данные обрабатывали следующим образом: (а) кривые для эталонных наконечников усредняли и вычитали из кривых для образцов; (b) кривые ассоциации и диссоциации отделяли и выравнивали по оси Y; (с) выравнивали промежуточную стадию между ассоциацией и диссоциацией; (d) осуществляли фильтрацию Savitzky-Golay для уменьшения шумового сигнала, и (е) полученный набор кривых ассоциации и диссоциации для каждого взаимодействия образец-мишень подвергали глобальной аппроксимации с моделью однократного связывания 1:1 для определения измеренных величин констант скорости ассоциации (K<sub>a</sub>) и диссоциации (K<sub>d</sub>) для вычисления равновесной константы диссоциации K<sub>D</sub>.

Таблица 7

**Специфичность к доменам и биохимическая аффинность  
биспецифических связывающих соединений с выделенными  
белковыми доменами CDH19 человека, лишенными  
посттрансляционных модификаций**

		A = huCDH19(140-367) E coli			B = huCDH19(44-367) E coli			
ID клона	Биспецифическое связывающее соединение ID	KD (нМ)	ka (M <sup>-1</sup> s <sup>-1</sup> )	kd (с <sup>-1</sup> )	KD (пМ)	ka (M <sup>-1</sup> s <sup>-1</sup> )	kd (с <sup>-1</sup> )	Спрогнозированные области эпитопов
2G6	65254	< 0,03	3,37E+05	< 1,0E-05	< 0,04	2,31E+05	< 1,0E-05	250-364 Тип В.1
26F12	65251	(-)	(-)	(-)	0,20	3,86E+05	7,56E-05	44-114 Тип А.2

(-) отрицательное связывание, ассоциация в течение 20 мин, диссоциация в течение 1,5 ч

**Легенда таблицы 7**

**Белковые домены CDH19 человека, лишенные посттрансляционных модификаций**

A = Экспрессированный E coli huCDH19 (140-367 SEQ ID NO: 944)

B = Экспрессированный E coli huCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 944)

Данные, обобщенные в таблице 7, подтвердили специфичность к области эпитопа CDH19 биспецифических связывающих соединений и позволили их ранжирование относительной аффинности.

Таблица 8

**Модулированная кальцием биохимическая аффинность  
биспецифических связывающих соединений с выделенными  
белковыми доменами CDH19 человека и макака, лишенными  
посттрансляционных модификаций**

		B = huCDH19(44-367) E coli			C = rhCDH19(44- 367) E coli			
ID клона, Тип эпи- топа	ID биспеци- фичес- кого связыва- ющего соеди- нения	KD (нМ)	ka (M- 1с-1)	kd (с- 1)	KD (нМ)	ka (M- 1с-1)	kd (с- 1)	CaCl <sub>2</sub>
2G6, Тип B.1	65254	<0,06	1,66E+ 05	< 1,0E -05	< 0,03	2,97E +05	<1,0 E-05	1 мМ
26F12, Тип A.2	65251	0,31	2,91E+ 05	9,0E -05	0,17	8,19E +05	1,36 E-04	1 мМ
2G6, Тип B.1	65254	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	отсут- ствует
26F12, Тип A.2	65251	2,56	1,21E+ 05	3,08 E-04	1,16	4,68E +05	5,44 E-04	отсут- ствует

(-) отрицательное связывание, ассоциация в течение 20 мин, диссоциация в течение 1,5 ч

**Легенда таблицы 8**

**Домены белка CDH19, лишенные посттрансляционных модификаций**

B = экспрессируемый E coli huCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 944)

C = экспрессируемый E coli rhCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 1457)

Данные, обобщенно представленные в таблице 8, позволили определение чувствительности к кальцию биспецифических

связывающих соединений и ранжирование их относительной аффинности. Кроме того, данные указывают на конформационные эпитопы, причем тип В.1 более зависим от ассоциации CDH19/Ca<sup>2+</sup>, чем эпитоп типа А.2

Таблица 9

Биохимическая аффинность биспецифических связывающих соединений с выделенными белковыми доменами CDH19 человека и макака, лишенными посттрансляционных модификаций

ID клона	ID биспецифического связывающего соединения	B = huCDH19(44-367) E coli			C = rhCDH19(44-367) E coli		
		KD (нМ)	ka (M <sup>-1</sup> c <sup>-1</sup> )	kd (c <sup>-1</sup> )	KD (нМ)	ka (M <sup>-1</sup> c <sup>-1</sup> )	kd (c <sup>-1</sup> )
2G6	65254	<0,3	3,11E+05	<1,0E-04	<0,3	3,69E+05	<1,0E-04
2G6.001	65254.001	<0,4	2,21E+05	<1,0E-04	<0,4	2,42E+05	<1,0E-04
2G6.003	65254.003	<0,5	1,80E+05	<1,0E-04	<0,5	1,91E+05	<1,0E-04
2G6.007	65254.007	0,57	2,95E+05	1,69E-04	0,55	3,53E+05	1,94E-04
4A2.002	65238.002	<0,2	5,48E+05	<1,0E-04	<0,1	9,13E+05	<1,0E-04
4B10.002	65240.002	<0,2	5,02E+05	<1,0E-04	<0,1	7,48E+05	<1,0E-04
4B10.003	65240.003	<0,2	3,87E+05	<1,0E-04	<0,2	5,06E+05	<1,0E-04
4B10.005	65240.005	<0,2	4,41E+05	<1,0E-04	<0,2	6,00E+05	<1,0E-04
19B5.1.002	65235.002	1,74	3,74E+05	6,49E-04	1,02	4,94E+05	5,02E-04
19B5.1.003	65235.003	2,44	3,09E+05	7,54E-04	1,63	3,97E+05	6,45E-04
23A10.001 (B1)	65237.001	<0,4	2,55E+05	<1,0E-04	<0,3	3,16E+05	<1,0E-04
23A10.001 (B2)	65237b.001	0,57	2,95E+05	1,69E-04	0,55	3,53E+05	1,94E-04

23A10.002	65237.002	<0,3	2,86E+05	<1,0E-04	<0,3	3,61E+05	<1,0E-04
26D1.1.003	65250.003	0,66	3,64E+05	2,41E-04	0,50	5,20E+05	2,62E-04
26D1.1.004	65250.004	1,08	3,39E+05	3,67E-04	0,65	4,66E+05	3,02E-04
26D1.1.005	65250.005	2,65	3,19E+05	8,44E-04	1,42	4,42E+05	6,25E-04
26F12.002	65251.002	0,97	3,25E+05	3,16E-04	1,70	4,33E+05	7,36E-04
26F12.004	65251.004	1,04	2,90E+05	3,00E-04	1,85	3,46E+05	6,38E-04
26F12.006	65251.006	3,96	4,10E+05	1,62E-03	5,39	5,95E+05	3,21E-03
26F12.008	65251.008	3,77	4,87E+05	1,84E-03	5,14	7,45E+05	3,83E-03

1 мМ CaCl<sub>2</sub>, ассоциация в течение 5 мин, диссоциация в течение 8,3 мин

**Легенда таблицы 9**

**Белковые домены CDH19, лишенные посттрансляционных модификаций**

В = экспрессируемый E coli huCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 944)

С = экспрессируемый E coli rhCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 1457)

Данные, обобщенно представленные в таблице 9, позволили ранжирование относительной аффинности биспецифических связывающихся соединений в отношении доменов CDH19 человека и не являющихся человеком приматов, лишенных гликозилирования.

Таблица 10

Модулируемая кальцием биохимическая аффинность биспецифических связывающих соединений в отношении выделенных гликозилированных белковых доменов CDH19 человека и макака

		D = huCDH19(44-367) CHO			E = rhCDH19(44-367) CHO			
ID клона, тип эпитопа	ID биспеци- фического связывающего соединения	KD (нМ)	ka (M- 1с-1)	kd (с-1)	KD (нМ)	ka (M-1с-1)	kd (с-1)	CaCl <sub>2</sub>
2G6, тип B.1	65254	<0,041	2,44E+05	<1,0E-05	<0,031	3,19E+05	<1,0E-05	1 мМ
2G6.003, тип B.1	65254.003	<0,099	1,01E+05	<1,0E-05	<0,09	1,10E+05	<1,0E-05	1 мМ
4B10.003, тип B.2	65240.003	0,24	2,08E+05	4,91E-05	0,29	2,70E+05	7,88E-05	1 мМ
19B5.1.003, тип A.2	65235.003	1,01	4,02E+05	4,07E-04	0,27	7,12E+05	1,93E-04	1 мМ
23A10.002, тип B.1	65237.002	<0,036	2,75E+05	<1,0E-05	<0,035	2,82E+05	<1,0E-05	1 мМ
26D1.1.005, тип A.2	65250.005	0,97	3,13E+05	3,04E-04	0,37	4,64E+05	1,74E-04	1 мМ



26F12, тип А.2	65251	0,28	5,28E+05	1,50E-04	0,22	8,72E+05	1,94E-04	1 мМ
26F12.006, тип А.2	65251.006	1,24	4,92E+05	6,07E-04	1,13	6,94E+05	7,86E-04	1 мМ
2G6, тип В.1	65254	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	отсутствует
2G6.003, тип В.1	65254.003	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	отсутствует
4B10.003, тип В.2	65240.003	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	отсутствует
19B5.1.003, тип А.2	65235.003	3,49	2,90E+05	1,01E-03	3,28	2,65E+05	8,68E-04	отсутствует
23A10.002, тип В.1	65237.002	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	отсутствует
26D1.1.005, тип А.2	65250.005	0,86	4,12E+05	3,56E-04	2,58	3,26E+05	8,41E-04	отсутствует
26F12, тип А.2	65251	1,91	2,66E+05	5,09E-04	1,09	5,38E+05	5,88E-04	отсутствует
26F12.006, тип А.2	65251.006	0,79	6,29E+05	4,95E-04	18,53	3,36E+05	6,22E-03	отсутствует
(-) отрицательное связывание, ассоциация в течение 20 мин, диссоциация в течение 1,5 ч								

**Легенда таблицы 10****Гликозилированные белковые домены CDH19**

D = экспрессируемый CHO huCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 944)

E = экспрессируемый CHO rhCDH19 (44-367 SEQ ID NO: 1457)

Данные, обобщенно представленные в таблице 10, позволили определить чувствительности к кальцию биспецифических связывающих соединений и ранжирование относительной аффинности в отношении гликолизированных доменных белков CDH19 человека и не являющихся человеком приматов. По сравнению с данными в таблице 8, аффинность является сходной с аффинностью в отношении доменов, лишенных посттрансляционных модификаций. Кроме того, данные указывают на конформационные эпитопы, причем типы эпитопов В.1 и В.2 являются более зависимыми от ассоциации CDH19/Ca<sup>2+</sup>, чем тип эпитопа А.2.

Пример 13 - Биспецифическое связывание и межвидовая перекрестная специфичность

Для подтверждения связывания с CDH19 человека и с CD3 человека, биспецифические антитела исследовали проточной цитометрией с использованием указанных клеточных линий. В качестве положительных по антигену клеточных линий использовали НЕК293, трансфицированные CDH19 человека (см. пример 14), и экспрессирующую CD3 клеточную линию Т-клеточного лейкоза человека HPB-ALL (DSMZ, Braunschweig, ACC483).

Для проточной цитометрии 200000 клеток соответствующих клеточных линий инкубировали в течение 30 мин на льду со 100 мкл содержащего ViTE клеточного культурального супернатанта. Клетки промывали два раза в PBS/2% FCS и связывание конструкции выявляли с помощью антитела мыши против CD3scFv (3E5.A5, Amgen; разбавленное до 2 мкг/мл PBS/2% FCS). После промывания выявляли связавшиеся антитела против CD3scFv с помощью специфичного к Fc-гамма антитела (Dianova), конъюгированного с фикоэритрином, разбавленного 1:100 в PBS/2% FCS. Образцы измеряли проточной цитометрией на устройстве FACSCanto II и анализировали с помощью программного обеспечения FACSDiva (оба от Becton Dickinson).

Биспецифические антитела против CDH19/CD3 окрашивали

клетки HEK293, трансфицированные CDH19 человека, а также Т-клетки человека и макака (см. фиг.19).

#### Пример 14 - Цитотоксическая активность

Анализ высвобождения хрома со стимулированными Т-клетками человека

##### **Выделение эффекторных клеток**

Чашку Петри (диаметр 145 мм, Greiner bio-one GmbH, Kremsmünster) покрывали коммерчески доступным специфичным к CD3 антителом (ОКТ3, Orthoclone) в конечной концентрации 1 мкг/мл в течение 1 часа при 37°C. Несвязанный белок удаляли посредством одной стадии промывания с помощью PBS. В предварительно покрытую чашку Петри с 120 мл RPMI 1640 со стабилизированным глутамином/10% FCS/IL-2 20 Е/мл (Proleukin®, Chiron) добавляли  $3-5 \times 10^7$  РВМС человека и стимулировали в течение 2 суток. На третьи сутки клетки собирали и промывали один раз RPMI 1640. Добавляли IL-2 до конечной концентрации 20 Е/мл и клетки вновь культивировали в течение одних суток в той же среде для культивирования клеток, которая описана выше.

##### **Истощение клеток CD4<sup>+</sup> и CD56<sup>+</sup>**

CD8<sup>+</sup> цитотоксические Т-лимфоциты (CTL) увеличивали в количестве путем истощения CD4<sup>+</sup> Т-клеток и CD56<sup>+</sup> NK-клеток с использованием Dynal-Beads в соответствии с протоколом изготовителя.

##### **Анализ на основе высвобождения <sup>51</sup>Cr**

Трансфицированные CDH19 человека клетки-мишени HEK293 (для получения см. пример 14) промывали два раза PBS и метили 11,1 МБк <sup>51</sup>Cr в конечном объеме 50 мкл с добавлением RPMI, в течение 60 минут при 37°C. Затем меченые клетки-мишени промывали 3 раза 5 мл RPMI, а затем использовали в анализе цитотоксичности. Анализ проводили в 96-луночной планшете в общем объеме 200 мкл с добавлением RPMI с соотношением Е:Т 10:1. Использовали начальную концентрацию 0,1-1 мкг/мл очищенного биспецифического антитела и ее трехкратные разведения. Время инкубации для анализа составило 18 часов. Цитотоксичность определяли в качестве относительных величин высвободившегося хрома в

супернатанте относительно разности максимального лизиса (добавление Triton-X) и спонтанного лизиса (без эффекторных клеток). Все измерения проводили в четырех экземплярах. Измерение активности хрома в супернатантах проводили на гамма-счетчике Wizard 3'' (Perkin Elmer Life Sciences GmbH, Köln, Германия). Анализ результатов проводили с помощью Prism 6 для Windows (версия 6.02, GraphPad Software Inc., San Diego, California, USA). Величины EC50, вычисленные с помощью программы для анализа из сигмовидных кривых доза-эффект, использовали для сравнения цитотоксической активности (см. фиг.20).

#### Пример 15 - Продуцирование и очистка антител ViTE

Продуцирование по стандартизированной экспериментальной шкале антител ViTE против CDH19 проводили во вращающихся флаконах. Собранный культуральный супернатант после фильтрации подвергали двухстадийной очистке антитела ViTE на основе либо улавливания с помощью аффинной хроматографии с иммобилизованным металлом (IMAC) и последующей эксклюзионной хроматографии, либо улавливания с белком\_A и последующей эксклюзионной хроматографии (SEC).

##### **15.1 Стадия IMAC для улавливания антител ViTE**

Для хроматографии использовали систему Äkta® Explorer Systems (GE Healthcare), контролируемую программным обеспечением Unicorn®. Аффинную хроматографию с иммобилизованным металлом (IMAC) проводили с использованием Fractogel EMD chelate® (Merck, Darmstadt), который нагружали ZnCl<sub>2</sub> в соответствии с протоколом, предоставленным изготовителем. Колонку уравнивали буфером А (20 мМ натрий-фосфатный буфер, 0,1 М NaCl, 10 мМ имидазол, pH 7,2) и на колонку наносили супернатант клеточной культуры (1000 мл) (объем нанесения 10 мл) при скорости потока 4 мл/мин. Колонку промывали буфером А для удаления не связавшегося образца. Связавшийся белок элюировали с использованием двухстадийного градиента буфера В (20 мМ натрий-фосфатный буфер, 0,1 М NaCl, 0,5 М имидазол, pH 7,2) по следующей методике:

Стадия 1: 10% буфер В в 5 объемах колонки

Стадия 2: 100% буфер В в 5 объемах колонки

Элюированные белковые фракции со стадии 2 объединяли для дальнейшей очистки и концентрировали до конечного объема 3 мл с использованием центрифужных элементов Vivaspin (Sartorius-Stedim, Göttingen-Germany) с мембраной PES и пределом молекулярной массы 10 кДа. Все химические вещества представляли собой вещества исследовательской категории, и они были приобретены от Merck (Darmstadt, Германия). Фиг.11.

### **15.2 Улавливание антител ViTE с белком\_A**

Для хроматографии использовали систему Äkta® Explorer Systems (GE Healthcare), контролируемую программным обеспечением Unicorn®. Для стадии улавливания использовали аффинные колонки, которые содержали гранулы с ковалентно связанным белком\_A. Колонку уравнивали буфером для уравнивания, pH 7,4, и наносили супернатант клеточной культуры. После промывания колонки тремя объемами колонки буфера для уравнивания, чтобы смыть не связавшийся образец, связанные антитела ViTE элюировали с использованием буфера для элюирования при pH 3,0. pH элюированного раствора сразу нейтрализовывали раствором трисгидроксиметиламина Tris, pH 8,0, уже содержащегося в пробирке для фракционирования в коллекторе фракций.

Элюированные фракции белка со стадии 2 объединяли для дальнейшей очистки и концентрировали до конечного объема 3 мл с использованием центрифужных элементов Vivaspin (Sartorius-Stedim, Göttingen-Germany) с мембраной PES и пороговым значением молекулярной массы 10 кДа. Все химические вещества представляли собой вещества исследовательской категории, и они были приобретены от Merck (Darmstadt, Германия). Фиг.12.

### **15.3 Эксклюзионная хроматография**

Эксклюзионную хроматографию проводили на колонке препаративной категории HiLoad 16/60 Superdex 200 (GE Healthcare), уравновешенной буфером SEC (20 mM NaCl, 30 mM  $\text{NaH}_2\text{PO}_4$ , 100 mM L-аргинин, pH 7,0) при скорости потока 1 мл/мин. Мономерные и димерные фракции антитела ViTE объединяли и добавляли 24% исходный раствор трегалозы для достижения

конечной концентрации трегалозы 4%. Элюированные образцы белка подвергали восстанавливающему SDS-PAGE и вестерн-блоттингу с антителом против His-метки для анализа.

Объединенные фракции белка измеряли при 280 нм в поликарбонатных кюветах с длиной пути света 1 см (Eppendorf, Hamburg-Germany) и концентрацию белка вычисляли на основе коэффициента, вычисленного для каждого белка с использованием программного обеспечения для анализа последовательностей Vector NTI.

Объединенные фракции мономеров ViTE доводили до 250 мкг/мл с помощью дополнительного буфера для составления ViTE (20 mM NaCl, 30 mM NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 100 mM L-аргинин, 4% трегалоза, pH 7,0). Количество минимум 600 мкг для каждого ViTE отбирали и переносили для немедленного анализа белка, как описано в примере 16.

Остальные объединенные фракции белка мономера антитела ViTE и димера антитела ViTE распределяли аликвотами по 15 и 50 мкг белка и быстро замораживали в жидком азоте. Далее проводили хранение в морозильной камере при -80°C до применения в анализе биологической активности и измерений аффинности. Фиг.13.

С помощью SDS-PAGE было определено, что чистота выделенного мономера антитела ViTE составила >95%. Как и ожидалось, очищенное мономерное антитело ViTE выглядело как белковые полосы в диапазоне молекулярной массы 54-56 кДа. Фиг.14.

#### Пример 16 - Свойства белка

Свежеприготовленный раствор мономера ViTE, полученный согласно примеру 15, использовали в следующих аналитических способах

- Высокоэффективная эксклюзионная хроматография (HP-SEC) первоначально мономерных антител против CDH19 ViTE после инкубации в течение одной недели при 250 мкг/мл и 37°C.

- преобразование мономера ViTE в димер посредством трех циклов замораживания/оттаивания, а затем HP-SEC

- Аналитическая катионообменная хроматография высокого разрешения

- Хроматография гидрофобного взаимодействия на матрице Sepharose Octyl FF.

- Концентрирование до 2500 мкг/мл с последующим хранением в течение ночи и измерением мутности

- Определение температуры агрегации ТА путем измерения динамического рассеяния света при нагревании

### **16.1 Преобразование мономера ViTE в димер путем инкубации в течение 7 суток**

15 мкг мономерного антитела против CDH19 ViTE в концентрации 250 мкг/мл инкубировали при 37°C в течение 7 суток.

SEC Column TSK Gel G3000 SWXL высокого разрешения (Tosoh, Tokyo-Japan) подсоединяли к Äkta Purifier 10 FPLC (GE Lifesciences), оборудованному автоматическим дозатором A905. Буфер для уравнивания колонки и подвижный буфер состоял из 100 мМ KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> – 200 мМ Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, доведенных до pH 6,6. После инкубации в течение 7 суток на уравновешенную колонку наносили раствор антитела ViTE (15 мкг белка) и проводили элюирование при скорости потока 0,75 мл/мин при максимальном давлении 7 МПа. Мониторинг всего анализа проводили для оптического поглощения при 280, 254 и 210 нм. Анализ проводили путем интегрирования пиков сигнала при 210 нм, зарегистрированного на оценочном листе программного обеспечения Äkta Unicorn. Содержание димера вычисляли путем площади пика димера на общую площадь пика мономера плюс димер. фиг.15.

### **16.2. Преобразование мономера ViTE в димер с помощью трех циклов замораживания/размораживания**

15 мкг мономерного антитела ViTE в концентрации 250 мкг/мл замораживали при -80°C в течение 30 мин, а затем размораживали в течение 30 мин при комнатной температуре. После трех циклов замораживания/размораживания определяли содержание димера с использованием HP-SEC, как описано в примере 16.1. Фиг.16.

CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21: содержание димера 0,50 %

### **16.3 Аналитическая ионообменная хроматография высокого разрешения**

1-мл колонку BioPro SP, изготовленную YMC (YMC Europe GmbH, Dinslaken-Germany) с сульфопропильными группами, связанными с твердыми гранулами, подсоединяли к устройству Äkta Micro FPLC (GE Healthcare).

Для уравнивания колонки использовали разбавление образца и промывание в буфере, состоящем из 20 мМ дигидрофосфата натрия и 30 мМ хлорида натрия, доведенном гидроксидом натрия до pH 5,5.

Для элюирования использовали буфер, состоящий из 20 мМ  $\text{NaH}_2\text{PO}_4$  и 1000 мМ NaCl, доведенный гидроксидом натрия до pH 5,5.

50 мкг мономера антитела ViTE разбавляли буфером для разведения до конечного объема 50 мл.

После уравнивания колонки на колонку наносили 40 мл раствора разбавленного белка, а затем проводили стадию промывания.

Элюирование проводили с помощью непрерывно возрастающего градиента буфера для элюирования от нуля до 100% в общем объеме, соответствующем 200 объемам колонки. Мониторинг всего анализа проводили для оптического поглощения при 280 (синяя линия) и 254 (красная линия) нм.

Процент главного пика вычисляли путем деления площади основного пика на сумму площадей пиков, а затем умножения на коэффициент 100. Фиг.17.

CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21: процент основного пика 89,3%

#### **16.4 Sepharose Octyl FF**

Элюирование мономерных антител ViTE оценивали на колонке для хроматографии гидрофобного взаимодействия C8 Sepharose Octyl FF (GE Healthcare) с объемом геля 1 мл.

50 мкг мономерного белка антитела ViTE дополняли буфером (10 мМ лимонная кислота – 75 мМ лизин x HCl – 4% трегалоза – pH 7,2) до конечного объема 300 мкл. Колонку подсоединяли к системе Äkta Purifier 10 (GE Healthcare). К системе подсоединяли петлю для образца объемом 500 мкл. Систему и колонку уравнивали подвижным буфером (10 мМ лимонная



кислота – 75 мМ лизин х HCl – 200 мМ NaCl – pH 7,2).

Полный образец инъецировали в петлю для образца и содержимое петли для образца наносили на колонку. После инъекции образца объем подвижного буфера, составляющий 10 мл, наносили на колонку при скорости потока 0,2 мл/мин при одновременной регистрации оптического поглощения при 254 и 280 нм вместе с проводимостью. Фиг.18.

CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21: быстрое и полное элюирование.

#### **16.5 Концентрирование мономера ViTE до 2500 мкг/мл с последующим хранением в течение ночи и измерением мутности**

1000 мкл мономера ViTE против CDH19 концентрировали в двух центрифужных элементах Vivaspin 500 с мембраной 10 кДа PES (Sartorius-Stedim, Göttingen-Germany) до конечного объема 100 мкл. Этот объем хранили в течение ночи при 5°C в холодильной камере. Мутность измеряли три раза для оптического поглощения при длине волны 340. После этого вычисляли среднее значение для трех измерений.

Мутность OD340 CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21: 0,034

#### **16.6 Определение температуры агрегации ТА посредством измерения динамического рассеяния света при нагревании**

Объем 40 мкл мономерного антитела ViTE в концентрации 250 мкг/мл переносили во внутреннюю часть одноразовой пластмассовой кюветы. Более глубоко расположенную наружную часть заполняли обычным буфером для составления ViTE. Верхнюю часть кюветы закрывали резиновой пробкой, чтобы избежать потери жидкости посредством выпаривания в процессе нагревания образца.

Кювету помещали в устройства для динамического рассеяния света Nanostar Dynamic Light Scattering (Wyatt) и нагревали от 40°C до 70°C с шагом нагревания 0,5°C/мин.

Проводили постоянный мониторинг состояния агрегации и его регистрировали в течение всего процесса нагревания. Оценку проводили с помощью пакета программ, предоставленного изготовителем устройства.

Температура агрегации CDH19 ViTE CH19 2G6 302 x I2C SA21: 52,4°C

### 16.7 Пегилирование антител ViTE с помощью Cys-петлю

Мономерное антитело ViTE, содержащее с-концевую Cys-петлю (для методологических деталей см. WO 2006/008096) подвергали диализу против буфера Tris/NaCl, pH 7,4, и восстанавливали добавлением восстановителя трис(2-карбоксиитил)фосфин TSEP (Perbio Pierce) с получением двух восстановленных остатков цистеина теперь разомкнутой Cys-петли.

TSEP удаляли диализом. Добавляли PEG-малеимид, способный ковалентно связываться с восстановленным цистеином, в молярном избытке и инкубировали в течение 3 часов при комнатной температуре.

Катионообменную колонку Sepharose SP (GE Healthcare) подсоединяли к системе Äkta FPLC и уравнивали буфером для связывания (низкомолекулярный буфер фосфат/NaCl, pH 5,0).

Раствор белка разбавляли буфером для связывания, доведенным до pH 5,0, для обеспечения связывания белка ViTE с катионообменной колонкой. Не связавшийся PEG удаляли на стадии промывания дополнительным буфером для связывания, pH 5,0, 10 объемами колонки. Связавшийся белок элюировали линейно возрастающим процентом буфера для элюирования с 20 мМ фосфатом и 1 М NaCl.

Пегилированное антитело ViTE элюировалось при более низкой молярности буфера для элюирования по сравнению с немодифицированным антителом ViTE.

Таблица последовательностей:

ТАБЛИЦА 1а

## CDR ТЯЖЕЛОЙ ЦЕПИ

Ab	Тип	CDR 1	CDR 2	CDR 3
1D10 2C12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	AGGGCCGGTATAATAGGAACTACAGGC
		GCAGACTCCGTGAAGGGC		TACTACTACGGTATGGACGTC
	SEQ ID NO: 1	SEQ ID NO: 2	SEQ ID NO: 3	
	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RAGIIGTTGYYYYGMDV
SEQ ID NO: 4		SEQ ID NO: 5	SEQ ID NO: 6	
1F10	NA	AGTGGTGGTTACTACTGGAGC	TACATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAAC	GATGGAAGCAGTGGCTGGTACTTCCAG
		CCGTCCCTCACGAGT		CAC
	SEQ ID NO: 7	SEQ ID NO: 8	SEQ ID NO: 9	
	AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLTS	DGSSGWYFQH
SEQ ID NO: 10		SEQ ID NO: 11	SEQ ID NO: 12	
2C12_L C#1	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	AGGGCCGGTATAATAGGAACTACAGGC
		GCAGACTCCGTGAAGGGC		TACTACTACGGTATGGACGTC
	SEQ ID NO: 13	SEQ ID NO: 14	SEQ ID NO: 15	
	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RAGIIGTTGYYYYGMDV
SEQ ID NO: 16		SEQ ID NO: 17	SEQ ID NO: 18	
2G6_LC #1	NA	AGCTATGGCATGCAC	TTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	AGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGC
		GCAGACTCCGTGAAGGAC		TACTACTACGGTATGGACGTC
SEQ ID NO: 19	SEQ ID NO: 20	SEQ ID NO: 21		

	AA	SYGMH	FIWYDGSNKYYADSVKD	RAGIIGTIGYYYYGMDV
		SEQ ID NO: 22	SEQ ID NO: 23	SEQ ID NO: 24
2G6	NA	AGCTATGGCATGCAC	TTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	AGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGC
			GCAGACTCCGTGAAGGAC	TACTACTACGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 25	SEQ ID NO: 26	SEQ ID NO: 27
	AA	SYGMH	FIWYDGSNKYYADSVKD	RAGIIGTIGYYYYGMDV
		SEQ ID NO: 28	SEQ ID NO: 29	SEQ ID NO: 30
2H12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	AGGGCCGGTATAATAGGAACTACAGGC
			ACAGACTCCGTGAAGGGC	TACTACTACGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 31	SEQ ID NO: 32	SEQ ID NO: 33
	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYTDSVKG	RAGIIGTTGYYYYGMDV
		SEQ ID NO: 34	SEQ ID NO: 35	SEQ ID NO: 36
2H12_L C#2	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	AGGGCCGGTATAATAGGAACTACAGGC
			ACAGACTCCGTGAAGGGC	TACTACTACGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 37	SEQ ID NO: 38	SEQ ID NO: 39
	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYTDSVKG	RAGIIGTTGYYYYGMDV
		SEQ ID NO: 40	SEQ ID NO: 41	SEQ ID NO: 42
4A2 5B4 5C5	NA	AGTAGTGGTTACTACTGGAGC	TACATCTATTACTACTGGGAGCGCCTACTACAAC	GATGGAAGCAGTGGCTGGTACTTCCAG
			CCGTCCCTCAAGAGT	TAT
		SEQ ID NO: 43	SEQ ID NO: 44	SEQ ID NO: 45
	AA	SSGYYS	YIYYTGSAYYNPSLKS	DGSSGWYFQY

		SEQ ID NO: 46	SEQ ID NO: 47	SEQ ID NO: 48
4A9	NA	GGTTACTACTGGAGC	TATTTCTCTTACAGTGGGAGCACCAACTACAAC	AACTGGGCCTTCCACTTTGACTTC
			CCCTCCCTCAAGAGT	
		SEQ ID NO: 49	SEQ ID NO: 50	SEQ ID NO: 51
	AA	GYYS	YFSYSGSTNYNPSLKS	NWAFHFDF
		SEQ ID NO: 52	SEQ ID NO: 53	SEQ ID NO: 54
4B10 4C2	NA	AGCTATGACATGCAC	GTTATATCATATGATGGAAC TAATGAATACTAT	GAACGATATTTTGACTGGTCTTTTGAC
			GCAGACTCCGTGAAGGGC	TAC
		SEQ ID NO: 55	SEQ ID NO: 56	SEQ ID NO: 57
	AA	SYDMH	VISYDGTNEYADSVKG	ERYFDWSFDY
		SEQ ID NO: 58	SEQ ID NO: 59	SEQ ID NO: 60
4D2	NA	AGTTATGACATGCAC	GTTATATCATATGATGGAAC TAATGAATACTAT	GAACGATATTTTGACTGGTCTTTTGAC
			GCAGACTCCGTGAAGGGC	TAC
		SEQ ID NO: 61	SEQ ID NO: 62	SEQ ID NO: 63
	AA	SYDMH	VISYDGTNEYADSVKG	ERYFDWSFDY
		SEQ ID NO: 64	SEQ ID NO: 65	SEQ ID NO: 66
4D3 4F3	NA	AGCTATGACATGGAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAA <sub>t</sub> acTAT	GAAACTGGGGAGG <sub>g</sub> CTGGTACTTCGAt
			GCAGACTCCGTGAGGGGC	ctc
		SEQ ID NO: 67	SEQ ID NO: 68	SEQ ID NO: 69
	AA	SYDMD	VIWYDGSNKYYADSVRG	ETGEGWYFDL
		SEQ ID NO: 70	SEQ ID NO: 71	SEQ ID NO: 72

4E10	NA	AGCTATGACATGCAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	GAGTATAGGTACAGCTGGTACTTTGAC
			GCAGACTCCCGTGAAGGGC	TAC
		SEQ ID NO: 73	SEQ ID NO: 74	SEQ ID NO: 75
	AA	SYDMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	EYRYSWYFDY
		SEQ ID NO: 76	SEQ ID NO: 77	SEQ ID NO: 78
4F7	NA	AGTTACTCCTGGAGC	TATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAAC	AACTGGGCCTTCCACTTTGACTAC
			CCCTCCCTCAAGAGT	
		SEQ ID NO: 79	SEQ ID NO: 80	SEQ ID NO: 81
	AA	SYSWS	YIYYSGSTNYNPSLKS	NWAFHFDY
		SEQ ID NO: 82	SEQ ID NO: 83	SEQ ID NO: 84
5E3	NA	AGCTATAGCATGCAC	TCCATTAGTAGTAGTAGTAGTTACATATACTAC	GGGAAACTGGAACATACTACTACTAC
			GCAGACTCAGTGAAGGGC	TACGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 85	SEQ ID NO: 86	SEQ ID NO: 87
	AA	SYSMH	SISSSSSYIYYADSVKG	GETGTNYYYYGMDV
		SEQ ID NO: 88	SEQ ID NO: 89	SEQ ID NO: 90
17H8 23B6 28D10	NA	AGTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAAC	GATCCCCGGTATAGAAGTGGCTGGTAC
			CCCTCCCTCAAGAGT	GATGCTTTTGATATC
		SEQ ID NO: 91	SEQ ID NO: 92	SEQ ID NO: 93
	AA	SYYS	YIYYIGSTNYNPSLKS	DSRYRSGWYDAFDI
		SEQ ID NO: 94	SEQ ID NO: 95	SEQ ID NO: 96
16C1	NA	GGTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAAC	GATGGGAGCAGTGGCTGGTACCGGTGG

			CCCTCCCTCAAGAGT	TTCGACCCC
		SEQ ID NO: 97	SEQ ID NO: 98	SEQ ID NO: 99
	AA	GYYS	YIYYIGSTNYNPSLKS	DGSSGWYRWFDP
		SEQ ID NO: 100	SEQ ID NO: 101	SEQ ID NO: 102
16A4	NA	AGTTACTACTGGAGC	TATATCTATTACAGTGGGAGCACCAATTACAAC CCCTCCCTCAAGAGT	GATCAAAGGCGGATAGCAGCAGCTGGT ACCCACTTCTACGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 103	SEQ ID NO: 104	SEQ ID NO: 105
	AA	SYYS	YIYYSGSTNYNPSLKS	DQRRIAAAGTHFYGMDV
		SEQ ID NO: 106	SEQ ID NO: 107	SEQ ID NO: 108
16E2 17E10 20B12	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTGATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT GCAGACTCCGTGAAGGGC	GACGGGTGGGAGCTGTCCTTTGACTAC
		SEQ ID NO: 109	SEQ ID NO: 110	SEQ ID NO: 111
	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DGWELSFYD
		SEQ ID NO: 112	SEQ ID NO: 113	SEQ ID NO: 114
22G10	NA	AGTTATGCCATGAAC	ACTATTAGTGGTGGTGGTGGTCTAACACATACTAC GCAGACTCCGTGAAGGGC	GGGGGAATGGGGGATACTACTACGGT ATGGACGTC
		SEQ ID NO: 115	SEQ ID NO: 116	SEQ ID NO: 117
	AA	SYAMN	TISGGGANTYYADSVKG	GGMGGYYYGMDV
		SEQ ID NO: 118	SEQ ID NO: 119	SEQ ID NO: 120
16H2 20D3	NA	AGCTACTTTATTAC	ATAATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAAGCTAC GCACAGAAGTTCCAGGGC	GGGGGATACAGCTATGGTTACATTTT GACTAC

23E7		SEQ ID NO: 121	SEQ ID NO: 122	SEQ ID NO: 123
	AA	SYFIH	IINPISVSTSYAQKFQG	GGIQLWLHFDY
		SEQ ID NO: 124	SEQ ID NO: 125	SEQ ID NO: 126
22D1	NA	AGCTACTTTATTCAC	ATAATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAAGCTAC GCACAGAAGTTCCAGGGC	GGGGGATACAGCTATGGTTACATTTG GACTAC
		SEQ ID NO: 127	SEQ ID NO: 128	SEQ ID NO: 129
	AA	SYFIH	IINPISVSTSYAQKFQG	GGIQLWLHLDY
		SEQ ID NO: 130	SEQ ID NO: 131	SEQ ID NO: 132
25F8	NA	AGCTACTATATTCAC	ATAATCAACCCCAGTGGTGGTAGCACAAAGGTAC GCACAGAAGTTCCAGGGC	GGGGAATACAGCTATGGTTACATTTt GACTAC
		SEQ ID NO: 133	SEQ ID NO: 134	SEQ ID NO: 135
	AA	SYYIH	IINPSGGSTRYAQKFQG	GGIQLWLHFDY
		SEQ ID NO: 136	SEQ ID NO: 137	SEQ ID NO: 138
26F12 27B3	NA	AACTACTATATGTCC	ATAATCAACCCTAGTGGTGGTGACTCAACCTAC GCACAGAAGTTCCAGGGC	GGGGGATACAACCTATGGTTACATTTT GACTAC
		SEQ ID NO: 139	SEQ ID NO: 140	SEQ ID NO: 141
	AA	NYYMS	IINPSGGDSTYAQKFQG	GGIQLWLHFDY
		SEQ ID NO: 142	SEQ ID NO: 143	SEQ ID NO: 144
26D1	NA	AGCTACTATATGTCC	ATAATCCACCCTAGTGGTGGTGACACAACCTAC GCACAGAAGTTCCAGGGC	GGGGGATAAACTATGGTTACATTTT GACTAT
		SEQ ID NO: 145	SEQ ID NO: 146	SEQ ID NO: 147



	AA	SYYMS	IIHPSGGDTTYAQKFQG	GGIKLWLHFDY
		SEQ ID NO: 148	SEQ ID NO: 149	SEQ ID NO: 150
25G10	NA	GGTACTACTGGAGC	TATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAAC	GATGGGAGCAGTGGCTGGTACCGGTGG
			CCCTCCCTCAAGAGT	TTCGACCCC
		SEQ ID NO: 151	SEQ ID NO: 152	SEQ ID NO: 153
	AA	GYYS	YIYYIGSTNYNPSLKS	DGSSGWYRWFDP
		SEQ ID NO: 154	SEQ ID NO: 155	SEQ ID NO: 156
23A10	NA	CGCTATGGCATAAC	GTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTAT	AGGGCCGGTATACCTGGAACACTACGGGC
			GCAGACTCCGTGAAGGGC	TACTACTATGGTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 157	SEQ ID NO: 158	SEQ ID NO: 159
	AA	RYGIH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RAGIPGTTGYYYYGMDV
		SEQ ID NO: 160	SEQ ID NO: 161	SEQ ID NO: 162
19B5	NA	AGCTACTTTATTCAC	ATTATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAGCTAC	GGGGGATACAGCTATGGTTACATTTG
			GCACAGAAGTTCCAGGGC	GACTAC
		SEQ ID NO: 163	SEQ ID NO: 164	SEQ ID NO: 165
	AA	SYFIH	IINPISVSTSYAQKFQG	GGIQLWLHLDY
		SEQ ID NO: 166	SEQ ID NO: 167	SEQ ID NO: 168

## CDR ЛЕГКОЙ ЦЕПИ

Ab	Тип	CDR 1	CDR 2	CDR 3
1D10 2C12	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGAAAAATAT ACTTGC	CAAGATACCAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA
		SEQ ID NO: 169	SEQ ID NO: 170	SEQ ID NO: 171
	AA	SGDRLGEKYTC	QDKRPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO: 172	SEQ ID NO: 173	SEQ ID NO: 174
1F10	NA	AGGGCCAGTCGGAGTATTAGCAGCAGC TACTTAGCC	GGTCCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAGCTCATTCCT
		SEQ ID NO: 175	SEQ ID NO: 176	SEQ ID NO: 177
	AA	RASRSISSSYLA	GPSSRAT	QQYGSSFT
		SEQ ID NO: 178	SEQ ID NO: 179	SEQ ID NO: 180
2C12_L C#1	NA	AGGtCTAGTCAAAGcctcgtaTACAGT GATGGAACAcctACTTGAAT	AAGGTTTCTAACTGGGactct	ATGCAAGGTATAGTGTGGCCGTGCAGT
		SEQ ID NO: 181	SEQ ID NO: 182	SEQ ID NO: 183
	AA	RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQGIVWPCS
		SEQ ID NO: 184	SEQ ID NO: 185	SEQ ID NO: 186
2G6_LC #1	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGTATACAGT GATGGAACACCTACTTGAAT	CAGGTTTCTAACTGGGACTCT	ATGCAAGATACACTGTGGCCGTGCAGT
		SEQ ID NO: 187	SEQ ID NO: 188	SEQ ID NO: 189

	AA	RSSQSLVYSDGNTYLN	QVSNWDS	MQDTLWPCS
		SEQ ID NO: 190	SEQ ID NO: 191	SEQ ID NO: 192
2G6	NA	TCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATAT ACTTGC	CAAGATACCAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA
		SEQ ID NO: 193	SEQ ID NO: 194	SEQ ID NO: 195
	AA	SGDRLGEKYTC	QDTKRPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO: 196	SEQ ID NO: 197	SEQ ID NO: 198
2H12	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGAAAAATAT ACTTGC	CAAGATACCAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA
		SEQ ID NO: 199	SEQ ID NO: 200	SEQ ID NO: 201
	AA	SGDRLGEKYTC	QDTKRPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO: 202	SEQ ID NO: 203	SEQ ID NO: 204
2H12_L C#2	NA	AGGTCTAGTCAAAGCCTCGTATACAGT GATGGAAACACCTACTTGAAT	AAGGTTTCTAACTGGGACTCT	ATGCAAGATACACTGTGGCCGTGCAGT
		SEQ ID NO: 205	SEQ ID NO: 206	SEQ ID NO: 207
	AA	RSSQSLVYSDGNTYLN	KVSNWDS	MQDTLWPCS
		SEQ ID NO: 208	SEQ ID NO: 209	SEQ ID NO: 210
4A2 5B4 5C5	NA	AGGgcCAGTCGGAATATTAGCAGCAGC TACttaGCC	GGTCCATCCAGCAGGGccaCT	CAGCAGTATGGtagctCATTCACT
		SEQ ID NO: 211	SEQ ID NO: 212	SEQ ID NO: 213
	AA	RASRNISSSYLA	GPSSRAT	QQYGSSFT

		SEQ ID NO: 214	SEQ ID NO: 215	SEQ ID NO: 216
4A9	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGACA GGTTATGCTGTACAC	GGTAACAACAATCGGCCCTCA	CAGTCCTATGACAGCagACTGAGTGGT TGGGTG
		SEQ ID NO: 217	SEQ ID NO: 218	SEQ ID NO: 219
	AA	TGSSSNIGTGYAVH	GNNNRPS	QSYDSRLSGWV
		SEQ ID NO: 220	SEQ ID NO: 221	SEQ ID NO: 222
4B10 4C2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAACACC TACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTACAGTAACTCgtgGACG
		SEQ ID NO: 223	SEQ ID NO: 224	SEQ ID NO: 225
	AA	RASQSVSNTYLA	GASSRAT	QQYSNSWT
		SEQ ID NO: 226	SEQ ID NO: 227	SEQ ID NO: 228
4D2	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAACACC TACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGCCGCT	CagcagTATAGTAacTcgtgGACG
		SEQ ID NO: 229	SEQ ID NO: 230	SEQ ID NO: 231
	AA	RASQSVSNTYLA	GASSRAA	QQYSNSWT
		SEQ ID NO: 232	SEQ ID NO: 233	SEQ ID NO: 234
4D3 4F3	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC TACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAGCTCGTGGACG
		SEQ ID NO: 235	SEQ ID NO: 236	SEQ ID NO: 237
	AA	RASQSVSSSYLA	GASSRAT	QQYGSSWT
		SEQ ID NO: 238	SEQ ID NO: 239	SEQ ID NO: 240

4E10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGGCAGCAGC	GGTGCATCCAGCAGGGTCACT	CAGCAATATAGTAACTCGTGGACG
		TACTTAGCC		
		SEQ ID NO: 241	SEQ ID NO: 242	SEQ ID NO: 243
	AA	RASQSVGSSYLA	GASSRVT	QQYSNSWT
		SEQ ID NO: 244	SEQ ID NO: 245	SEQ ID NO: 246
4F7	NA	ACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACA	GGTAACAGCAATCGGCCCTCA	CAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGT
		GGTTATGATGTACAC		TGGGTG
		SEQ ID NO: 247	SEQ ID NO: 248	SEQ ID NO: 249
	AA	TGSSSNIGTGYDVH	GNSNRPS	QSYDSSLGWV
		SEQ ID NO: 250	SEQ ID NO: 251	SEQ ID NO: 252
5E3	NA	TCTGGAGATAAATTGGGGGATGAATAT	CAAGATAGCAAGCGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTA
		GCTTGC		
		SEQ ID NO: 253	SEQ ID NO: 254	SEQ ID NO: 255
	AA	SGDKLGDEYAC	QDSKRPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO: 256	SEQ ID NO: 257	SEQ ID NO: 258
17H8 23B6 28D10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTGCCGGCAGC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAAATCACCGATCACC
		TACCTAGCC		
		SEQ ID NO: 259	SEQ ID NO: 260	SEQ ID NO: 261
	AA	RASQSVAGSYLA	GASSRAT	QQYGKSPIT
		SEQ ID NO: 262	SEQ ID NO: 263	SEQ ID NO: 264
16C1	NA	AGGGCCAGCCAGAGTGTTAGCAGCAGC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAACTCACCGCTCACT

		TACTTAGCC		
		SEQ ID NO: 265	SEQ ID NO: 266	SEQ ID NO: 267
	AA	RASQSVSSSYLA	GASSRAT	QQYGNSPLT
		SEQ ID NO: 268	SEQ ID NO: 269	SEQ ID NO: 270
16A4	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGT TATTTAGCC	GGTACATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTACGGTAGCTCACCTTTCCT
		SEQ ID NO: 271	SEQ ID NO: 272	SEQ ID NO: 273
	AA	RASQSVSSSYLA	GTSSRAT	QQYGSSPFT
		SEQ ID NO: 274	SEQ ID NO: 275	SEQ ID NO: ***276
16E2 17E10 20B12	NA	CGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTAT TTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAAAGT	CAACACTATTTTACTTACCCTCGGACG
		SEQ ID NO: 277	SEQ ID NO: 278	SEQ ID NO: 279
	AA	RASQGISNYLA	AASSLQS	QHYFTYPRT
		SEQ ID NO: 280	SEQ ID NO: 281	SEQ ID NO: 282
22G10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAGCAAC TTAGCC	GGTGCATTTACCAGGGCCACT	CAGCAGTATAATTACTGGCCGCTCACT
		SEQ ID NO: 283	SEQ ID NO: 284	SEQ ID NO: 285
	AA	RASQSISNLA	GAFTRAT	QQYNYWPLT
		SEQ ID NO: 286	SEQ ID NO: 287	SEQ ID NO: 288
16H2 20D3	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGT AATTTTGTAAC	ACTAATAATCAGCGGCCCTCA	GCAACATGGGATGACAGCCTGAATGGT TGGGTG

23E7		SEQ ID NO: 289	SEQ ID NO: 290	SEQ ID NO: 291
	AA	SGSSSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATWDDSLNGWV
		SEQ ID NO: 292	SEQ ID NO: 293	SEQ ID NO: 294
22D1	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGC AATTTTGTAAC	ACTAATAATCAGCGGCCCTCA	GCAACATGGGATGACAGTATGAATGGT TGGGTG
		SEQ ID NO: 295	SEQ ID NO: 296	SEQ ID NO: 297
	AA	SGSSSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATWDDSMNGWV
		SEQ ID NO: 298	SEQ ID NO: 299	SEQ ID NO: 300
25F8	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGG AATTTTGTAAC	ACTAATAATCAGCGGCCCTCA	GCAGCATGGGATGACAGCCTGAATGGT TGGGTG
		SEQ ID NO: 301	SEQ ID NO: 302	SEQ ID NO: 303
	AA	SGSSSNIGRNFVN	TNNQRPS	AAWDDSLNGWV
		SEQ ID NO: 304	SEQ ID NO: 305	SEQ ID NO: 306
26F12 27B3	NA	TCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGT AATTTTGTAAC	ACTAATTATCAGCGGCCCTCA	GCAGTATGGGATGACAGCCTGAATGGT TGGGTG
		SEQ ID NO: 307	SEQ ID NO: 308	SEQ ID NO: 309
	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNYQRPS	AVWDDSLNGWV
		SEQ ID NO: 310	SEQ ID NO: 311	SEQ ID NO: 312
26D1	NA	TCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGT AATTTTGTAAC	ACTAATAATCAGCGGCCCTCA	GCAGTATGGGATGACAGCCTGAATGGT TGGGTG
		SEQ ID NO: 313	SEQ ID NO: 314	SEQ ID NO: 315

	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNNQRPS	AVWDDSLNGWV
		SEQ ID NO: 316	SEQ ID NO: 317	SEQ ID NO: 318
25G10	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGC TACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAACTCACCGCTCACT
		SEQ ID NO: 319	SEQ ID NO: 320	SEQ ID NO: 321
	AA	RASQSVSSSYLA	GASSRAT	QQYGNSPLT
		SEQ ID NO: 322	SEQ ID NO: 323	SEQ ID NO: 324
23A10	NA	TCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATAT GTTTGC	CAAGATAATAAGTGGCCCTCA	CAGGCGTGGGACAGCAGcacTGTGGTA
		SEQ ID NO: 325	SEQ ID NO: 326	SEQ ID NO: 327
	AA	SGDRLGEKYVC	QDNKWPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO: 328	SEQ ID NO: 329	SEQ ID NO: 330
19B5	NA	TCTGGAAGCAGGTCCAACATCGGAAGC AATTTTGTAAAC	ACTAATAATCAGCGGCCCTCA	GCAACATGGGATGACAGTATGAATGGT TGGGTG
		SEQ ID NO: 331	SEQ ID NO: 332	SEQ ID NO: 333
	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATWDDSMNGWV
		SEQ ID NO: 334	SEQ ID NO: 335	SEQ ID NO: 336



Аминокислотные последовательности и полинуклеотидные последовательности переменной области антитела против CDH19

Таблица IIa

Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности переменной области тяжелой цепи

SEQ ID NO.	ОБОЗНАЧЕНИЕ	ИСТОЧНИК	ТИП	ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ
337	17H8 23B6 28D10	искусственная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACGT GCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAATAGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGGAA GGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAG AGTCGCGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGA CCGCTGCGGACACGGCCCTGTATTACTGTGCGAGAGATTCCCGGTATAGAAGTGGCTGGTACGA TGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
338	17H8 23B6 28D10	искусственная	aa	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSLK SRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTALYYCARDSTRYSRWYDAFDIWGQGMVTVSS
339	4A2 5B4 5C5	искусственная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCT GCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCC AGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACACTGGGAGCGCCTACTACAACCCGTCC CTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCT CTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGAAGCAGTGGCTGGTACTT CCAGTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCCTCA

340	4A2 5B4 5C5	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGLVKPSQTL <sup>S</sup> LCTVSGGSISSSGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYTGSAYYNPS LKS <sup>R</sup> VTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGTLVTVSS
341	16H2 20D3 23E7	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCT GCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCAGTGGGTGCGCCAGGCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAAGCTACGCACAGAAGTTC CAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGCAGCC TGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGAGGGGGGATAACAGCTATGGTTACATTT TGA <sup>C</sup> TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
342	16H2 20D3 23E7	искусст- венная	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTF <sup>S</sup> YFIHWVRQAPGGLEWMGIINPISVSTSYAQKF QGRVTMTRD <sup>T</sup> STSTVFMELSSLRSED <sup>T</sup> AVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGTLVTVSS
343	26F12 27B3	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCT GCAAGGCATCTAGATACACCTTCACCAACTACTATATGTCTGGGTGCGACAGGCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTAGTGGTGGTGACTCAACCTACGCACAGAAGTTC CAGGGCAGACTCACCATGACCGGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCC TGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGATACAACTATGGTTACATTT TGA <sup>C</sup> TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
344	26F12 27B3	искусст- венная	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTF <sup>T</sup> NYYMSWVRQAPGGLEWMGIINPSGGDSTY <sup>A</sup> QKF QGR <sup>L</sup> LTMTGDTSTSTVYME <sup>L</sup> SSLRSED <sup>T</sup> AVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGTLVTVSS
345	4B10 4C2	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGACATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGA <sup>A</sup> CTAATGAATACTATGCAGACTCCGTG

				AAGGGCCGATTACCATCTCCAGAGACACTTCCAAGAACACGCTGTATTTGCAAATGAACAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGAACGATATTTTACTGGTCTTTTGA CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCAGTGTCTCCTCA
346	4B10 4C2	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKLEWVAVISYDGTNEYYSV KGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSS
347	4D3 4F3	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGTAGCTATGACATGGACTGGGTCCGCCAGACTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AGGGGCCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTTTCTGCAAATGAACAGCC TGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAACTGGGGAGGGCTGGTACTTCGA TCTCTGGGGCCGTGGCACCCCTGGTCACTGTCTCCTCA
348	4D3 4F3	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKLEWVAVIWDGSKYYYSV RGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSS
349	16E2 17E10 20B12	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGACTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTGATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AAGGGCCGATTACCATCTCCAGAGACATTTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCC TGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACGGGTGGGAGCTGTCTTTGACTA CTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCAACCGTCTCCTCA
350	16E2 17E10 20B12	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFI FSSYGMHWVRQTPGKLEWVAVIWDGSKYYYSV KGRFTISRDISKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGWELSFYWGQGLVTVSS

351	1D10 2C12	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGTCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGCGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTACAGG CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
352	1D10 2C12	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVSVIWDGNSNKYYADSV KGRFTISRDN SKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
353	16C1	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACTT GTACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGGAA GGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAG AGTCGAGTCACCATGTCAATAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGACGCTGAGCTCTTTGA CCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGATGGGAGCAGTGGCTGGTACCGGTGGTT CGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
354	16C1	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSIISGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTNYNPSLK SRVTMSIDTSKNQFSLTLSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS
355	25G10	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCT GCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGGAA GGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAG AGTCGAGTCACCATGTGAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGA CCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGGAGCAGTGGCTGGTACCGGTGGTT CGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA

356	25G10	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSLK SRVTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS
357	16A4	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCgGGCCCAGGACTGGCGAAgccttcGGAGACcctgtccctcacct gCACTGTCTCTGGTGACTCCATCACTAGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGGAA GGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAATTACAACCCCTCCCTCAAG AGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGTTCTGTGA CCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAAAGGCGGATAGCAGCAGCTGGTAC CCTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
358	16A4	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLK SRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDQRRIAAGTHFYGMDVWGQGTTVTVSS
359	1F10	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCT GCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCC AGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCC CTCACGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCT CTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGAAGCAGTGGCTGGTACTT CCAGCACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCCTCA
360	1F10	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYYSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPS LTSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQHWGQGLTVTVSS
361	4A9	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCT GCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGAAA GGGACTGGAGTGGTTTGCATATTTCTCTTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAG AGTCGAGTCACCTTATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGA CCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACTGGGCCTTCCACTTTGACTTCTGGGG

				CCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
362	4A9	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWFAYFSYSGSTNYNPSLK SRVTLSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGGTLVTVSS
363	4F7	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCT GCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGGAA GGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAG AGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGA CCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACCTGGCCCTTCCACTTTGACTACTGGGG CCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
364	4F7	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSLK SRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSS
365	22D1	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGGTTTCCT GCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTACGCCAGGCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAAGCTACGCACAGAAGTTC CAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGCAGCC TGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGAGGGGGGATAACAGCTATGGTTACATTT GGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
366	22D1	искусст- венная	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSVCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQKF QGRVTMTRDTSSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
367	19B5	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTCCT GCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTGCGCCAGGCCCTGGACA AGGGCTTGAATGGATGGGAATTATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAAGCTACGCACAGAAGTTC CAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGCAGCC

				TGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGATAACAGCTATGGTTACATTT GGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
368	19B5	искусст- венная	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQKF QGRVTMTRDTSSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTLTVSS
369	25F8	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCT GCAAGGCATCTGGATACACCTTCACCAGCTACTATATCACTGGGTGCGCCAGGCCCTGGACA AGGACTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCCAGTGGTGGTAGCACAAGGTACGCACAGAAGTTC CAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGCagcc tGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGAATACAGCTATGGTTACATTT tGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
370	25F8	искусст- венная	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTRYAQKF QGRVTMTRDTSSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTLTVSS
371	26D1	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCT GTAAGGCATCTAGATACACCTTCACCAGCTACTATATGTCTGGGTGCGACAGGCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCCACCCTAGTGGTGGTGACACAACCTACGCACAGAAGTTC CAGGGCAGAGTCACCATGACCGGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCC TGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGATAAACTATGGTTACATTT TGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
372	26D1	искусст- венная	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTFSTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQKF QGRVTMTGDTSTSTVYMEELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLTLTVSS
373	4D2	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTAGTTATGACATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAAC TAATGAATACTATGCAGACTCCGTG

				AAGGGCCGATTACCATCTCCAGAGACACTTCCAAGAACACGCTGTATTTGCAAATGAACAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGAACGATATTTTACTGGTCTTTTGA CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCAGTGTCTCCTCA
374	4D2	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYSADSV KGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSS
375	4E10	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGACATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AAGGGCCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCACGAACACGCTGCATCTGCAAATGAACAGCC CGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTACTACTGTGCGAGAGAGTATAGGTACAGCTGGTACTTTGA CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
376	4E10	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYYSADSV KGRFTISRDNSTNTLHLQMNSPRAEDTAVYYCAREYRYSWYFDYWGQGLVTVSS
377	22G10	искусст- венная	nt	GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGTTATGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAA GGGGCTGGAGTGGGTCTCAACTATTAGTGGTGGTGGTGGTCTAACACATACTACGCAGACTCCGTG AAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGTGACAATTCCAAGAGCACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCC TGAGAGCCGCGGACACGGCCGTATATCACTGTGCGAAAGGGGGAATGGGGGGATACTACTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
378	22G10	искусст- венная	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYYSADSV KGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGLTIVTVSS
379	2C12_LC #1	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA



				GGGGCTGGAGTGGGTGTCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACACTACAGG CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
380	2C12_LC #1	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVSVIWDGSKNYADSV KGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGIIGTTGYYYGMDVWGQGT TTVTVSS
381	2H12_LC #2	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATACTAGACTCCGTG AAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACACTACAGG CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
382	2H12_LC #2	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYTDSV KGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGIIGTTGYYYGMDVWGQGT TTVTVSS
383	2G6_LC# 1	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AAGGACCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAAAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACACTATAGG CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
384	2G6_LC# 1	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADSV KDRFTISRDN SKNTLYLQMK SLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGT TTVTVSS

385	2H12	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATACAGACTCCGTG AAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTACAGG CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
386	2H12	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGNSNKYYTDSV KGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTGYYYGMDVWGQGT TVTVSS
387	2G6	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCATT TATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AAGGACCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAAAGCC TGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGG CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
388	2G6	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGNSNKYYADSV KDRFTISRDN SKNTLYLQMK SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSS
389	23A10	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAA GGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTG AAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCTAATGAACAGCC TGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACCTGGAAC TACGGG CTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

390	23A10	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGNSNKYYADSV KGRFTISRDN SKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYYGMDVWGQGT TTVTVSS
391	5E3	искусст- венная	nt	GAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATAGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAA GGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTAGTAGTAGTAGTAGTTACATATACTACGCAGACTCAGTG AAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCC TGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGAAACTGGAAC TAACTACTACTA CTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
392	5E3	искусст- венная	aa	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMHWVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYIYYADSV KGRFTISRDN AKNSLYLQMNLSRAEDTAVYYCARGETGTNYYYYGMDVWGQGT TTVTVSS

ТАБЛИЦА IIB

Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности варибельной области легкой цепи

SEQ ID NO.	ОБОЗНАЧЕНИЕ	ИСТОЧНИК	ТИП	ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ
393	17H8 23B6 28D10	искусственная	nt	GACATTGTATTGACGCAGtctCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTCGCCGCAGCTACCTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTCTGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTAC TGTCAGCAGTATGGTAAATCACCGATCACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATGAAAGGA
394	17H8 23B6 28D10	искусственная	aa	DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATGIPDRFSGS GSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGRLEMKG
395	4A2 5B4 5C5	искусственная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCT TGCAGGGCCAGTCGGAATATTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTATGGTCCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTACAGTGTATTAC TGTCAGCAGTATGGTAGCTCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAACGA
396	4A2 5B4 5C5	искусственная	aa	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRNISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGSSRATGIPDRFSGS GSGTDFTLTISRLEPEDFTVYYCQQYGSFTFGPGTKVDIKR

397	16H2 20D3 23E7	искусст- венная	nt	CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAATTTTGTAAACTGGTACAAACAACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCC AAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGTCTGATTATTAC TGTGCAACATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA GGT
398	16H2 20D3 23E7	искусст- венная	aa	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLITYNNQRPSGVPDRFSGS KSGTSASLAIISGLQSEDESDYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG
399	26F12 27B3	искусст- венная	nt	CAGTCTGTGCTGACTCAGTCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGGCAGAAGGTACCATCTCTTGT TCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTTGTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACCTCCTCATCTATACTAATTATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCC AAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTAC TGTGCAGTATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA GGT
400	26F12 27B3	искусст- венная	aa	QSVLTQSPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLITYTNYQRPSGVPDRFSGS KSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG
401	4B10 4C2	искусст- венная	nt	GAAATTGTATTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAACACCTACTTAGCCTGGTACCATCAGAGACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGATTTCAGTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCGCTCTCACCATCAGCAGTCTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTAC TGTCAGCAGTACAGTAACTCgtgGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAaacGA

402	4B10 4C2	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSN TYLAWYHQRPQGAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGS GSGTDFALTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR
403	4D3 4F3	искусст- венная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCACTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAACCTGAGGATTTTGCAGTGTATTAC TGTCAGCAGTATGGTAGCTCGTGGACGTTCCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA
404	4D3 4F3	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGS GSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSWTFGQGTKVEIKR
405	16E2 17E10 20B12	искусст- венная	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACT TGTCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTATTTAGCCTGGTTACAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCT AAGTCCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCAGTGGA TCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGC CAACACTATTTTACTTACCCTCGGACGTTCCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA
406	16E2 17E10 20B12	искусст- венная	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLAWLQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSG SGTDFTLTISLQPEDFATYYCQHYFTYPRTFGQGTKVEIKR
407	1D10 2C12	искусст- венная	nt	TCCTATGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCCTCACCTGC TCTGGAGATAGATTGGGGGAAAAATATACTTGTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTG CTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCACCTCT GGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAG GCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGT

408	1D10 2C12	искусст- венная	aa	SYALTQPPSVSVSPGQTASLTCSGDRLGKEYTCWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSTS GNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG
409	16C1	искусст- венная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGCCAGAGTGTTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTTTGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCGGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATCAC TGTCAGCAGTATGGTAACTCACCGCTCACTTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGA
410	16C1	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATGIPDRFSGS GSGTDFTLTIISGLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGKVEIKR
411	25G10	искусст- венная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTTTGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGT GGGTCTGGGACAGactTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATCAC TGTCAGCAGTATGGTAACTCACCGCTCACTTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGA
412	25G10	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATGIPDRFSGS GSGTDFTLTIISRLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGKVEIKR
413	16A4	искусст- венная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGTTATTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTATGGTACATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTAT TGTCAGCAGTACGGTAGCTCACCTTTCACTTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGA
414	16A4	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSSRATGIPDRFSGS GSGTDFTLTIISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGGGKVEIKR

415	1F10	искусст- венная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCGGAGTATTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTATGGTCCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTAC TGTCAGCAGTATGGTAGCTCATTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAACGA
416	1F10	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASRSISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSSRATGIPDRFSGS GSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKR
417	4A9	искусст- венная	nt	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGACAGAGGGTCACCATCTCCTGC ACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGACAGGTTATGCTGTACTACTGGTACCAGCAGTTTCCAGGAACA GCCCCAAACTCCTCATCTATGGTAACAACAATCGGCCCTCAGGGGTTCCCTGACCGATTCTCTGGC TCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTAT TACTGCCAGTCCTATGACAGCAGACTGAGTGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTAGGT
418	4A9	искусст- венная	aa	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQFPGTAPKLLIYGNNRPSGVPDRFSG SKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLG
419	4F7	искусст- венная	nt	CAGTCTGTgcTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCATCTCCTGC ACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGGTTATGATGTACTACTGGTATCAGCAGcttcCAGGAACA GCCCCAAACTCCTCATCCATGGTAACAGCAATCGGCCCTCAGGGGTTCCCTGACCGATTCTCTGGC TCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTAT TACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAGGTTGACCGTC CTAGGT
420	4F7	искусст- венная	aa	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPSGVPDRFSG SKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLGWSVFGGGTRLTVLG



421	22D1	искусст- венная	nt	CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGCAATTTTGTAAACTGGTACAAGCAGCTCCCAGGAACGGCC CCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCC AAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGTCTGATTATTAC TGTGCAACATGGGATGACAGTATGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA GGT
422	22D1	искусст- венная	aa	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLITYTNNQRPSGVPDRFSGS KSGTSASLAIISGLQSEDES DY YCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG
423	19B5	искусст- венная	nt	CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAACGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGCAGGTCCAACATCGGAAGCAATTTTGTAAACTGGTACAAGCAGCTCCCAGGAACGGCC CCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCC AAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGTCTGATTATTAC TGCGCAACATGGGATGACAGTATGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAACCTGACCGTCCTA GGT
424	19B5	искусст- венная	aa	QSALTQPPSTTGTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLITYTNNQRPSGVPDRFSGS KSGTSASLAIISGLQSEDES DY YCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

425	25F8	искусст- венная	nt	CAGTCTGCGCTGactCAGCCACCCTCAGCGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGGAATTTTGTAAACTGGTATAAGCAGCTCCCAGGAACGGCC CCCAAAGTCCTCATTTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCC AAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGTCTGATTATTAC TGTGCAGCATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA GGT
426	25F8	искусст- венная	aa	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYKQLPGTAPKVLITYTNNQRPSGVPDRFSGS KSGTSASLAIISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG
427	26D1	искусст- венная	nt	CACTCTGTGCTGACTCAGTCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGACAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTTGTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCC CCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCC AAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTAC TGTGCAGTATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA GGT
428	26D1	искусст- венная	aa	HSVLTQSPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLITYTNNQRPSGVPDRFSGS KSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG
429	4D2	искусст- венная	nt	GAAATTGTATTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAACACCTACTTAGCCTGGTACCATCAGAGACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCGCTGGCATCCCAGACAGGTTTCACTGGCAGT GGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTAC TGTCAGCAGTATAGTAACTCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA

430	4D2	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYHQRPGQAPRLLIYGASSRAAGIPDRFSGS GSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR
431	4E10	искусст- венная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTGGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCT CCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGTCACTGGCATCCCAGACAGGTTCACTGGCAGT GGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTAC TGTCAGCAATATAGTAACTCGTGGACGTTCCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA
432	4E10	искусст- венная	aa	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVGSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRVVTGIPDRFSGS GSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR
433	22G10	искусст- венная	nt	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGTCACCCTGTCTCTGTCTCTAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAGCAACTTAGCCTGGTTCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC AGACTCCTCATCTATGGTGCATTTACCAGGGCCACTGGTATCCCAGCCAGGGTCACTGGCAGTGGG TCTGGGACAGAGTTCCTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT CAGCAGTATAATTACTGGCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAGCGA
434	22G10	искусст- венная	aa	EIVMTQSPVTLISLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVSGSG SGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKR
435	2C12_LC #1	искусст- венная	nt	GATGTTGTGATGactCAGtCTccActctccctgcCCGTCACCCTTGGACAGCCGGcctCCAAtctcc tgCAGGtCTAGTCAAAGcctcgtaTACAGTGATGGAAACAcctACTTGAATTGGTTTCAGCAGAGG CCAGGCCAATCTCCAAGGcgcctaATTTATAAGGTTTCTAACTGGGactctGGGGtCCCAGACAGA TTCAGCgGCAGTGGGTGAGGCAActGATTTCAcactGAAAAtCAGCAGGGTGGaggctgaGGATGTT GGGGTTTATTactgCATGCAAGGTATAGTGTGGCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAG ATCAAaCgA

436	2C12_LC #1	искусст- венная	aa	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDR FSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQGIWPCSFQGTGKLEIKR
437	2H12_LC #2	искусст- венная	nt	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCCGTACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCC TGCAGGTCTAGTCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACCTACTTGAATTGGTTTCAGCAGAGG CCAGGCCAATCTCCAAGGCGCCTAATTTATAAGGTTTCTAACTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGA ATCAGCGGCAGTGGGTGAGGCACCGATTTACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATGTT GGGGTTTATTACTGCATGCAAGATACTGTGGCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAG ATCAAACGA
438	2H12_LC #2	искусст- венная	aa	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLNWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDR ISGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQDTLWPCSFQGTGKLEIKR
439	2G6_LC# 1	искусст- венная	nt	GaTGTTGTGATGACTCagtctccACTCTCCCTGCCCCGTACCCTtggacaGCCGGCCTccaTCTCC TGCAGGTCTAGTCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACCTACTTGAATTGGTTTCAGCAGAGG CCAGGCCAATCTCCACGGCGCCTAATTTATCAGGTTTCTAACTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGA TTCAGCGGCAGTGGGTGAGGCACCTGATTTACACTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATGTT GGGATTTATTACTGCATGCAAGATACTGTGGCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAG ATCAAACGA
440	2G6_LC# 1	искусст- венная	aa	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLNWFQQRPGQSPRRLIYQVSNWDSGVPDR FSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCMQDTLWPCSFQGTGKLEIKR
441	2H12	искусст- венная	nt	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGC TCTGGAGATAGATTGGGGGAAAAATATACTTGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTG CTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCT GGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGCCATGGATGAGGCTGACTATTACTGTGAG GCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCctAGGT

442	2H12	искусст- венная	aa	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRIDGEKYTCWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNS GNTATLTIISGTQPMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG
443	2G6	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGC TCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTTGTCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTG CTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCT GGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAG GCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGT
444	2G6	искусст- венная	aa	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRIDGEKYTCWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNS GNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG
445	23A10	искусст- венная	nt	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGC TCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATATGTTTGTCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTATA CTGGTCATCTATCAAGATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCT GGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAG GCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGT
446	23A10	искусст- венная	aa	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRIDGEKYVCWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSGSNS GNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG
447	5E3	искусст- венная	nt	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGC TCTGGAGATAAATTGGGGGATGAATATGCTTGTCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTGTG CTGGTCATCTATCAAGATAGCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCT GGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAG GCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGT
448	5E3	искусст- венная	aa	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDEYACWYQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNS GNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG

Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности  
 вариабельной области тяжелой цепи

**13586 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VH]**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWDGSNK  
 YYADSVRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSS  
 SEQ ID NO: 449

**13589 HC [hu anti-<huCDH19> 4A9 VH]**

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKGLEWFAYFSYSGSTN  
 YNPSLKSRTLSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGTTLVTVSS  
 SEQ ID NO: 450

**13590 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 VH]**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNE  
 YYADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGTLSVSS  
 SEQ ID NO: 451

**13874 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 VH]**

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARDSTRYRSGWYDAFDIWGQTMVTVS  
 S

SEQ ID NO: 452

**13875 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 VH]**

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLTLSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGTTLVTVSS  
 SEQ ID NO: 453

**13876 HC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 VH]**

QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGTTV  
 TVSS

SEQ ID NO: 454

**13877 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VH]**

EVQLLESGLLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISSDNKSTLYLQMNSLRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSS  
 SEQ ID NO: 455

**13878 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCSKVSQYFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGTTLVTVSS

SEQ ID NO: 456

**13879 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYFTTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 457

**13880 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVSKVSKASGYFTTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 458

**13881 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVSKVSKASRYTFTNYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDS  
TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 459

**13882 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVSKVSKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 460

**13883 HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 VH]**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
YNPSLKS RV TMSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 461

**13885 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVSKVSKVSGYFTTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 462

**14022 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]**

QVQLQESGPGLVKPSQTLTLCTVSGGSISSSGYYSWIRQHPPGKGLEWIGYIYYTGS  
AYYNPSLKS RV TISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 463

**14024 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P) VH]**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
AYYNPSLKS RV TISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 464

**14025 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]**

QVQLQESGPGLVKPSQTLTLCTVSGGSISSSGYYSWIRQHPPGKGLEWIGYIYYTGS  
AYYNPSLKS RV TISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 465

**14026 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P) VH]**QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
AYYNPSLKS RV TISVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 466

**14027 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P,D111E)****VH]**QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
AYYNPSLKS RV TISVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCAREGSSGWYFQYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 467

**14028 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P,D111E,W134Y) VH]**QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
AYYNPSLKS RV TISVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCAREGSSGWYFQYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 468

**14029 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]**QVQLQESGPGPLVKPSQTLTSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQHPPGKGLEWIGYIYYTGS  
AYYNPSLKS RV TISVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 469

**14030 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G) VH]**QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
YYADSVRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLT LVTVSS

SEQ ID NO: 470

**14031 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G,T47A) VH]**QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
YYADSVRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLT LVTVSS

SEQ ID NO: 471

**14032 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,R141Q)****VH]**QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
YYADSVRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 472

**14033 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,R141Q) VH]**QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNK  
YYAESVRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLT LVTVSS



SEQ ID NO: 473

14034 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,W134Y,R141Q) VH]

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNK  
YYAESVRGRFTISRDNKNTLFLQMNLSLRVEDTAVYYCARETGEGYFDLWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 474

14039 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (R17G,D61E,D72E,K94N) VH]

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYEGSNK  
YYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYIYGMVDVWGQGTTV  
TVSS

SEQ ID NO: 475

14040 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 VH]

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLTLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 476

14041 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K) VH]

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLKLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 477

14042 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K,D109E) VH]

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLKLSSSLTAADTAVYFCAREGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 478

14043 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K,W132Y,W135Y) VH]

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLKLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGYRYFDPWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 479

14044 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K) VH]

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLKLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 480

14045 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 VH]

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
YNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVTS

S

SEQ ID NO: 481

14046 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E) VH]

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGWYDAFDIWGQGMVTVS

S

SEQ ID NO: 482

14047 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E,W132Y)VH]

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGYYDAFDIWGQGMVTVS

S

SEQ ID NO: 483

14048 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E) VH]

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGWYDAFDIWGQGMVTVS

S

SEQ ID NO: 484

14049 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VH]

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 485

14050 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VH]

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 486

14051 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-468) (W113Y) VH]

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNYAFHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 487

14052 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-471) (R17G,D61E,D72E,W134Y) VH]

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKLEWVAVISYEGTNE  
 YYAESVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARERYFDYSFDYWGQGLTVSVSS

SEQ ID NO: 488

14053 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 VH]

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNE  
 YYADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLTVSVSS

SEQ ID NO: 489

**14054 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-471) (R17G) VH]**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNE  
 YYADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLTVSVSS

SEQ ID NO: 490

**14055 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-471) (R17G,D61E,D72E)**

**VH]**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNE  
 YYAESVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLTVSVSS

SEQ ID NO: 491

**14056 HC [hu anti-<huCDH19> 4A9 VH]**

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWFAYFSYSGSTN  
 YNPSLKSRVTLSDVTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 492

**14057 HC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-468) (F55I,A56G) VH]**

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYFSYSGSTN  
 YNPSLKSRVTLSDVTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 493

**14058 HC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-468) (F55I,A56G) VH]**

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYFSYSGSTN  
 YNPSLKSRVTLSDVTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 494

**14059 HC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-468) (F55I,A56G,W113Y)**

**VH]**

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYFSYSGSTN  
 YNPSLKSRVTLSDVTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNYAFHFDFWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 495

**14060 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 496

**14061 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 497

**14062 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYFTFSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 498

**14063 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYFTFSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 499

**14064 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYFTFSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSS

SEQ ID NO: 500

**14065 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (S82R,A99E) VH]**

EVQLLES GGGLVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
YYADSVKGRFTISRDNKSTLYLQMNSLRAEDTAVYHCAKGGMGGY YGMDVWGQTTVTVSS

SEQ ID NO: 501

**14066 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (A99E,H105Y)**

**VH]**

EVQLLES GGGLVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
YYADSVKGRFTISSDNKSTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKGGMGGY YGMDVWGQTTVTVSS

SEQ ID NO: 502

**14067 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (A99E) VH]**

EVQLLES GGGLVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
YYADSVKGRFTISSDNKSTLYLQMNSLRAEDTAVYHCAKGGMGGY YGMDVWGQTTVTVSS

SEQ ID NO: 503

**14068 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (A99E) VH]**

EVQLLES GGGLVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
YYADSVKGRFTISSDNKSTLYLQMNSLRAEDTAVYHCAKGGMGGY YGMDVWGQTTVTVSS

SEQ ID NO: 504

**14069 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (D72E,A99E) VH]**

EVQLLES GGGLVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
YYAESVKGRFTISSDNKSTLYLQMNSLRAEDTAVYHCAKGGMGGY YGMDVWGQTTVTVSS

SEQ ID NO: 505

**14070 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (H105Y) VH]**

EVQLLES GGGLVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT

YYADSVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNSLRAADTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSS

SEQ ID NO: 506

**14071 HC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 (1-474) (T144L) VH]**

QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
YNPSLKS RV TISVDT SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGTLV  
TVSS

SEQ ID NO: 507

**14072 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGTLVTVSS

SEQ ID NO: 508

**14073 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGTLVTVSS

SEQ ID NO: 509

**14074 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGTLVTVSS

SEQ ID NO: 510

**14075 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGTLVTVSS

SEQ ID NO: 511

**14076 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGTLVTVSS

SEQ ID NO: 512

**14077 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-474) (L92Q) VH]**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
YYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
TVSS

SEQ ID NO: 513

**14078 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-474) (R17G,L92Q) VH]**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
YYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
TVSS

SEQ ID NO: 514

14079 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-474) (R17G,D61E,D72E,L92Q) VH]

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNK  
 YYAESVKGRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
 TVSS

SEQ ID NO: 515

14080 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 VH]

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
 YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
 TVSS

SEQ ID NO: 516

14081 HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 VH]

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTDTVSS

SEQ ID NO: 517

14082 HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 (1-

469) (D109E,W132Y,W135Y) VH]

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAREGSSGYRYFDPWGQGLTDTVSS

SEQ ID NO: 518

14083 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLTDTVSS

SEQ ID NO: 519

14084 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLTDTVSS

SEQ ID NO: 520

14085 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLTDTVSS

SEQ ID NO: 521

14086 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLTDTVSS

SEQ ID NO: 522

**14087 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTSY YMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGIKLYLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 523

**14088 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-469) (R27G,G82R) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASGYTFTSY YMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
TYAQKFQGRVTMTRDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGIK LWLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 524

**14089 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNY YMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDS  
TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGI QLWLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 525

**14090 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNY YMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDS  
TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGI QLWLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 526

**14091 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNY YMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDS  
TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGI QLYLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 527

**14092 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNY YMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDS  
TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGI QLYLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 528

**14093 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASGYTFTSY YIHWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGST  
RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTV FMELSSLRSEDTAVYYCARGGI QLWLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 529

**14094 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASGYTFTSY YIHWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGST  
RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTV FMELSSLRSEDTAVYYCARGGI QLWLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 530

**14095 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-469) (F90Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASGYTFTSY YIHWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGST  
RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGI QLWLHFDYWGQGLT LVTVSS

SEQ ID NO: 531

**14096 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-469) (F90Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 532

**14097 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-469) (F90Y,W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 533

**14098 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 534

**14099 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 535

**14100 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 536

**14101 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-469) (W133Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 537

**14102 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-469) (F90Y) VH]**

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 538

**13591 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VH]**

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYSGSTN  
YNPSLKSRTVTSISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLTIVTSS

SEQ ID NO: 539

**14301 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 VH]**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKN  
YYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYGMDVWGQGLTIVTSS



TVSS

SEQ ID NO: 540

**14302 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (R17G,K94N) VH]**QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYDGSNK  
YYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTV

TVSS

SEQ ID NO: 541

**14303 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (D61E,D72E) VH]**QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYEGSNK  
YYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTV

TVSS

SEQ ID NO: 542

**14304 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (R17G) VH]**QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYDGSNK  
YYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTV

TVSS

SEQ ID NO: 543

Таблица IIд

**Аминокислотные последовательности вариабельной****области легкой цепи****13586 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]**EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 544

**13589 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 VL]**QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQFPGTAPKLLIYGNNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 545

**13590 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 VL]**EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYHQRPQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFALTISLSEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 546

**13874 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 VL]**DIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQTRLEMKG

SEQ ID NO: 547

**13875 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGTKVEIKR

SEQ ID NO: 548

**13876 LC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGGGTKVEIKR

SEQ ID NO: 549

**13877 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKR

SEQ ID NO: 552

**13878 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 554

**13879 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 555

**13880 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 556

**13881 LC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VL]**

QSVLTQSPSASGTPGQKVTISCSGSRNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 557

**13882 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VL]**

HSVLTQSPSASGTPGQRVTISCSGSRNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 555

**13883 LC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGTKVEIKR

SEQ ID NO: 556

**13885 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VL]**

QSALTQPPSTTGTPGQRVTIISCSGSRSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSGSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 557

**14022 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFTVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKR

SEQ ID NO: 558

**14024 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A, P141Q)****VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKR

SEQ ID NO: 559

**14025 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKR

SEQ ID NO: 560

**14026 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKR

SEQ ID NO: 561

**14027 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A, P141Q)****VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKR

SEQ ID NO: 562

**14028 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A, P141Q)****VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKR

SEQ ID NO: 563

**14029 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (R29Q, N30S) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSISISSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFTVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKR

SEQ ID NO: 564

**14030 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 565

**14031 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 566

**14032 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 567

**14033 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 568

**14034 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 569

**14039 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKQYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIP  
ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYICQAWESSTVVFSGGKTLTVLG

SEQ ID NO: 570

**14040 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYYCQQYGNSPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 571

**14041 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYYCQQYGNSPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 572

**14042 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYYCQQYGNSPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 573

**14043 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGTKVEIKR

SEQ ID NO: 574

**14044 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (G95R,H105Y,G141Q) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 575

**14045 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (G149R) VL]**

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNKSPITFGQGTRLEMKR

SEQ ID NO: 576

**14046 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (G149R) VL]**

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNKSPITFGQGTRLEMKR

SEQ ID NO: 577

**14047 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (G149R) VL]**

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNKSPITFGQGTRLEMKR

SEQ ID NO: 578

**14048 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (S57Y,G149R) VL]**

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGNKSPITFGQGTRLEMKR

SEQ ID NO: 579

**14049 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-239) (H57Y) VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLGWWVFGGGTRRLTVLG

SEQ ID NO: 580

**14050 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-239) (H57Y,D110E) VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESSLSGWWVFGGGTRRLTVLG

SEQ ID NO: 581

**14051 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-239) (D110E) VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESSLSGWWVFGGGTRRLTVLG

SEQ ID NO: 582

**14052 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 583

**14053 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 584

**14054 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 585

**14055 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 586

**14056 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L) VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 587

**14057 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L) VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 588

**14058 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L,D110E) VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESRLSGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 589

**14059 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L,D110E) VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESRLSGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 590

**14060 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (S102A) VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 591

**14061 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 592

**14062 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 593

**14063 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESLOGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 594

**14064 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (W109Y) VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDDYYCATYDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 595

**14065 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 596

**14066 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 597

**14067 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-234) (Q97E,S98P) VL]**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 598

**14068 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-234) (V78F,Q97E,S98P) VL]**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 599

**14069 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-234) (V78F,Q97E,S98P) VL]**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARFSGSGSGTEFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKR

SEQ ID NO: 600

**14070 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKR

SEQ ID NO: 601

**14071 LC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 (1-235) (G141Q) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSFPFTFGQGTKVEIKR

SEQ ID NO: 602

**14072 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-235) (K45Q, S102A) VL]**

QSALTQPPSTTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 603

**14073 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-235) (K45Q, S102A) VL]**

QSALTQPPSTTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 604

**14074 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-235) (T11V, K45Q, S102A) VL]**

QSALTQPPSVTGTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 605

**14075 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-235) (T11V, K45Q, S102A, D111E, N135Q) VL]**

QSALTQPPSVTGTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 606

**14076 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-235) (T11V, K45Q, S102A, W109Y, D111E, N135Q) VL]**

QSALTQPPSVTGTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 607

**14077 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP



ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 608

**14078 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP

ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 609

**14079 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S,D110E)**

**VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP

ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 610

**14080 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42Y) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVYVWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP

ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 611

**14081 LC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 (1-235) (H105Y) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG

IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 612

**14082 LC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 (1-235) (H105Y) VL]**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG

IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGKVEIKR

SEQ ID NO: 613

**14083 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (S7P) VL]**

HSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG

VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 614

**14084 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P) VL]**

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG

VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 615

**14085 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y)**

**VL]**

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG

VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 616

14086 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL]

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 617

14087 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL]

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 618

14088 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P) VL]

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 619

14089 LC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-235) (S7P) VL]

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 620

14090 LC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL]

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 621

14091 LC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL]

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 622

14092 LC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-235) (S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL]

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 623

14093 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 624

14094 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 625

14095 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 626

14096 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDESLNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 627

14097 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDESLQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 628

14098 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 629

14099 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 630

14100 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,W109Y,D111E,N135Q) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 631

14101 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,W109Y) VL]

QSALTQPPSATGTPGQRTVITSCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 632

**14102 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 633

**13591 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VL]**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLGWWVFGGGTRLTVLG

SEQ ID NO: 634

**14301 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (D110E) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTCWYQQRPGQSPLLVIIYQDTRPSGIP  
ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 635

**14302 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTSWYQQRPGQSPLLVIIYQDTRPSGIP  
ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 636

**14303 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTSWYQQRPGQSPLLVIIYQDTRPSGIP  
ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 637

**14304 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S) VL]**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQKPGQSPILVYQDNKWPSGIP  
ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGGTKLTVLG

SEQ ID NO: 638

**Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности  
вариабельной и константной области антитела против CDH19**

ТАБЛИЦА IIIa

**Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности  
вариабельной области тяжелой цепи**

**2G6**

CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGAC  
TCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTC  
CAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAG  
ACTCCGTGAAGGACCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAA  
TGAAAAGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAG  
GAACTATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTA

GTGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGG  
GCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGA  
ACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCCTCAGGACTCT  
ACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCA  
ACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACA  
AAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCT  
TCCCCCAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGG  
TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGC  
ATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCC  
TCACCGTCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG  
CCCTCCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGG  
TGTACACCCTGCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGG  
TCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA  
ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCA  
CCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC  
TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 639

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKN  
YYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWVGQTTV  
TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQS  
SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS  
VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSSVM  
HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 640

**4A2**

CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCC  
TCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCC  
AGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACACTGGGAGCGCCTACTACA  
ACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGA  
AGCTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGAAGCAGTG  
GCTGGTACTTCCAGTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCTAGTGCCTCCACCAAGG  
GCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGAACTCAGGCGCCCTGA  
CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG

TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCCTCTTCCCCC AAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 641

QVQLQESGPGLVKPSQTLSTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYTGS  
 AYYNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 642

**4A9**

CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCC  
 TCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCC  
 CAGGAAAGGGACTGGAGTGGTTTGCATATTTCTCTTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCT  
 CCTCAAGAGTCGAGTCACCTTATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGA  
 GCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACTGGGCCTTCCACTTTG  
 ACTTCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGTGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCT  
 TCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCA  
 AGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGC  
 ACACCTTCCCGGTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGC  
 CCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCA  
 AAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAG  
 CACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCCTCTTCCCCC AAAACCCAAGGACACCCTCA

TGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGG  
TCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGG  
AGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCTGCACCAGGACTGGCTGA  
ATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCATCGAGAAAACCA  
TCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGG  
AGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG  
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGCCTCCCCTGCTGG  
ACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGG  
GGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCC  
TCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 643

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWFAYFSYSGSTN  
YNPSLKSrvTLsvdTSKNQfSLKLSSvTAADTAVYYCARNWAFHFDfFWGQGLVTVSSASTKG  
PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSgvHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
VTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
SDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVfSCSVMHEALHNHYT  
QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 644

**4B10**

CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGAC  
TCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGACATGCACTGGGTCCGCCAGGCTC  
CAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAACATAATGAATACTATGCAG  
ACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACACTTCCAAGAACACGCTGTATTTGCAA  
TGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGAACGATATTTTGACT  
GGTCTTTTACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCAGCGTCTCTAGTGCCTCCACCAAGGGCC  
CATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT  
GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCA  
GCGGCGTGACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGG  
TGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCA  
GCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCAC  
CGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGG  
ACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG  
ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC  
CGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCTGCACCAGG

ACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCG  
 AGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCAT  
 CCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCA  
 GCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGCCTC  
 CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGT  
 GGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGC  
 AGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 645

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNE  
 YYADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDNLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
 FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMHEALHN  
 HYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 646

**4F3**

CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGAC  
 TCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGTAGCTATGACATGGACTGGGTCCGCCAGACTC  
 CAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAG  
 ACTCCGTGAGGGGCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTTTCTGCAAA  
 TGAACAGCCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAACTGGGGAGGGCT  
 GGTACTTCGATCTCTGGGGCCGTGGCACCCCTGGTCACCGTCTCTAGTGCCCTCCACCAAGGGCC  
 CATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT  
 GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCA  
 GCGGCGTGACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGG  
 TGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCA  
 GCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCAC  
 CGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGACCGTCAGTCTTCTTCCCCC AAAACCCAAGG  
 ACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG  
 ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC  
 CGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCTGCACCAGG  
 ACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCG  
 AGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCAT  
 CCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCA



GCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGCCTC  
CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGT  
GGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGC  
AGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 647

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
YYADSVRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSAS  
TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL  
SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
KPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMEALHN  
HYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 648

**4F7**

CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCC  
TCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCC  
CAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCT  
CCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGA  
GCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACTGGGCCTTCCACTTTG  
ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGTGCCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCT  
TCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCA  
AGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAAGTCAAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGC  
ACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGC  
CCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCA  
AGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACACTCACACATGCCACCGTGCCAG  
CACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACACCCTCA  
TGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGG  
TCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGG  
AGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCTGCACCAGGACTGGCTGA  
ATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCATCGAGAAAACCA  
TCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGG  
AGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCG  
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGG  
ACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGG  
GGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCC

TCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 649

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKS RVTIISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPVSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSV MHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 650

**16A4**

CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGCGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCC  
 TCACCTGCACTGTCTCTGGTGACTCCATCACTAGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCC  
 CAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGCGGGAGCACCAATTACAACCCCT  
 CCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGA  
 GTTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAAAGGCGGATAGCAG  
 CAGCTGGTACCCACTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGACCACGGTCACTGTCTCCT  
 CAGCTTCCACCAAGGGCCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGG  
 GCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGA  
 ACTCAGGGGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCCTCAGGACTCT  
 ACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCA  
 ACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACA  
 AAACTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCCTCT  
 TCCCCCAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG  
 TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGC  
 ATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCC  
 TCACCGTCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG  
 CCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGG  
 TGTACACCCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCTGG  
 TCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA  
 ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCA  
 CCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC  
 TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 651

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGDSITSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN

YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS  
 VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 652

**16C1**

CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCC  
 TCACTTGTACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCC  
 CAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAACCCT  
 CCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCAATAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGACGCTGA  
 GCTCTTTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGATGGGAGCAGTGGCTGGT  
 ACCGGTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACCTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 653

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTMSIDTSKNQFSLTLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP

PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 654

**17H8**

CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCC  
 TCACGTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAATAGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCC  
 CAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAACCCT  
 CCCTCAAGAGTCGCGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGA  
 GCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCCTGTATTACTGTGCGAGAGATTCCCGGTATAGAAGTG  
 GCTGGTACGATGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCAGCTTCCA  
 CCAAGGGCCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGG  
 CCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGGG  
 CCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCA  
 GCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATC  
 ACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACA  
 CATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAA  
 AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGA  
 GCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA  
 AGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCC  
 TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAG  
 CCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCC  
 TGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCT  
 TCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGA  
 CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA  
 AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACC  
 ACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 655

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARDSTRYRSGWYDAFDIWGQGMVTVS  
 SASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGL  
 YSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPSVFL  
 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSV  
 LTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCL  
 VKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVCSVMHEA

LHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 656

**19B5**

CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGG  
 TTTCTGCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTGCGCCAGGCC  
 CTGGACAAGGGCTTGAATGGATGGGAATTATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAAGCTACGCAC  
 AGAAGTTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGC  
 TGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGATACAGCTAT  
 GGTTACATTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTC AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACCTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 657

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 658

**20D3**

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGG  
 TTTCTGCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTGCGCCAGGCC  
 CTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAGCTACGCAC  
 AGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGC  
 TGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGATACAGCTAT  
 GGTACATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTTCGTGGAACCTCAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACCTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 659

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTEFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKVEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNQKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 660

**22D1**

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGG  
 TTTCTGCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTACGCCAGGCC  
 CTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAGCTACGCAC

AGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGC  
 TGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGATACAGCTAT  
 GGTACATTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAAGTCAAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCCTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 661

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKVEPKSCKDTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSQVMSHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 662

**22G10**

GAGGTGCAACTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGAC  
 TCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGTTATGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTC  
 CAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAACTATTAGTGGTGGTGGTGTAAACATACTACGCAG  
 ACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGTGACAATTCCAAGAGCACGCTGTATCTGCAAA  
 TGAACAGCCTGAGAGCCGCGGACACGGCCGTATATCACTGTGCGAAAGGGGGGAATGGGGGGAT  
 ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCA

AGGGCCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCC  
 TGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGGGCC  
 TGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA  
 GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACA  
 AGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACAT  
 GCCCACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAC  
 CCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCC  
 ACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGA  
 CAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTTCAGCGTCTCACCGTCTGC  
 ACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCC  
 CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGC  
 CCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT  
 ATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCA  
 CGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA  
 GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACT  
 ACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 663

EVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNSLRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQTTVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSVHFTFPAVLQSSGLY  
 SLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVMSHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 664

**23A10**

CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGAC  
 TCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTC  
 CAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAG  
 ACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCTAA  
 TGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACCTG  
 GAACTACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCT  
 CAGCTTCCACCAAGGGCCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGG  
 GCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGA  
 ACTCAGGGGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCT



ACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCA  
 ACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACA  
 AAACACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCT  
 TCCCCCAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGG  
 TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGC  
 ATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCC  
 TCACCGTCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG  
 CCTCCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGG  
 TGTACACCCTGCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGG  
 TCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA  
 ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCA  
 CCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC  
 TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 665

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKN  
 YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYGMDVWVGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPS  
 VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGIFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 666

**25F8**

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGG  
 TTTCTGCAAGGCATCTGGATACACCTTACCAGCTACTATATTTACTGGGTGCGCCAGGCCC  
 CTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCAGTGGTGGTAGCACAAAGTACGCAC  
 AGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGC  
 TGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGAATACAGCTAT  
 GGTTACATTTTACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTGCGTGGAACTCAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAACCCA

AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 667

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
 RYAQKFQGRVTMTRDSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 668

**25G10**

CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCC  
 TCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCC  
 CAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACATTGGGAGCACCAACTACAACCCT  
 CCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGA  
 GCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGGAGCAGTGGCTGGT  
 ACCGGTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACC

AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 669

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKVEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPG

SEQ ID NO: 670

**26D1**

CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGG  
 TTTCTGTAAAGGCATCTAGATACACCTTCACCAGCTACTATATGTCCTGGGTGCGACAGGCC  
 CTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCCACCCTAGTGGTGGTGACACAACCTACGCAC  
 AGAAGTTCAGGGCAGAGTCACCATGACCGGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGC  
 TGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGATAAACTAT  
 GGTACATTTTGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTGCGTGGAACTCAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCACTCTTCTTCCCCCAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC

CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA  
 CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 671

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIKWLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKHTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 672

**26F12**

CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGG  
 TTTCTGCAAGGCATCTAGATACACCTTCACCAACTACTATATGTCCTGGGTGCGACAGGCC  
 CTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTAGTGGTGGTGAAGTCAACCTACGCAC  
 AGAAGTTCAGGGCAGACTCACCATGACCGGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGC  
 TGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGATACTACTAT  
 GGTACATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTTCCACCAAGG  
 GCCCATCCGTCTTCCCCCTGGCGCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG  
 GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTGCGTGGAACTCAGGGGCCCTGA  
 CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG  
 TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC  
 CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCC  
 CACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCCA  
 AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG  
 AAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA  
 AGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCTGCACC  
 AGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA  
 TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC  
 CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC  
 CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGC  
 CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCA  
 GGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA

CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGA

SEQ ID NO: 673

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTNYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDS  
 TYAQKFQGRLLTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 674

Таблица IIIb

**Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности  
 переменной и константной области легкой цепи**

**2G6**

TCSTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCA  
 TCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTTGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCC  
 AGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCT  
 CTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGG  
 CTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGA  
 CCGTCCTAGGTCAGCCCAAGGCCAACCCCACTGTCACTCTGTTCCCGCCCTCCTCTGAGGAGC  
 TCCAAGCCAACAAGGCCACACTAGTGTGTCTGATCAGTGACTTCTACCCGGGAGCTGTGACAG  
 TGGCCTGGAAGGCAGATGGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCAAACCTCCAAAC  
 AGAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTACCTGAGCCTGACGCCCGAGCAGTGGAAGTCCC  
 ACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTA  
 CAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 675

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDLGEEKYTCWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYICQAWDSSTVVFGGTKLTVLGQPKANPTVTLFPSS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNKYAASSYLSLTPEQ  
 WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 676

**4A2**

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCGGAATATTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAAC  
 CTGGCCAGGCTCCAGGCTCCTCATCTATGGTCCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCAGACA

GGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAG  
 ATTTTACAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAG  
 TGGATATCAAACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCC GCCATCTGATGAGCAGT  
 TGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAG  
 TACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACACAGAGCAGG  
 ACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGA  
 AACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT  
 TCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 677

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRNISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPPSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFTVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 678

**4A9**

CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGACAGAGGGTCCACCA  
 TCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGACAGGTTATGCTGTACACTGGTACCAGCAGT  
 TTCCAGGAACAGCCCCAACTCCTCATCTATGGTAACAACAATCGGCCCTCAGGGGTTCTTG  
 ACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTG  
 AGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCATGACAGCAGACTGAGTGGTTGGGTGTTCCGGCG  
 GAGGGACCAAGCTGACCGTCTTAGGTGAGCCCAAGGCCAACCCCACTGTCACTCTGTTCCCGC  
 CCTCCTCTGAGGAGCTCCAAGCCAACAAGGCCACACTAGTGTGTCTGATCAGTGACTTCTACC  
 CGGGAGCTGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATGGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCA  
 CCAAACCCTCCAAACAGAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTACCTGAGCCTGACGCCCG  
 AGCAGTGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGA  
 AGACAGTGGCCCCCTACAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 679

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQFPGTAPKLLIYGNNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLGQPKANPTVT  
 LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 680

**4B10**

GAAATTGTATTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAACACCTACTTAGCCTGGTACCATCAGAGAC  
 CTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACA

GATTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCGCTCTCACCATCAGCAGTCTGGAGCCTGAAG  
 ATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTACAGTAACTCGTGGACGTTCCGCCAAGGGACCAAGG  
 TGGAAATCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGT  
 TGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAG  
 TACAGTGGAAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACACAGAGCAGG  
 ACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGA  
 AACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT  
 TCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 681

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYHQRPQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFALTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 682

**4F3**

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTACAGAGTGTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAAC  
 CTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACA  
 GGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAACCTGAGG  
 ATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCGTGGACGTTCCGCCAAGGGACCAAGG  
 TGGAAATCAAACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGT  
 TGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAG  
 TACAGTGGAAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACACAGAGCAGG  
 ACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGA  
 AACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT  
 TCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 683

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 684

**4F7**

CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCA  
 TCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGGTTATGATGTACTGTTATCAGCAGC  
 TTCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATCCATGGTAAACAGCAATCGGCCCTCAGGGGTCCCTG

ACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTG  
 AGGATGAGGCTGATTATACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGGGTGTTCCGGCG  
 GAGGGACCAGGTTGACCGTCTAGGTCAGCCCAAGGCCAACCCCACTGTCACTCTGTTCCCGC  
 CCTCCTCTGAGGAGCTCCAAGCCAACAAGGCCACACTAGTGTGTCTGATCAGTGACTTCTACC  
 CGGGAGCTGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATGGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCA  
 CCAAACCCCTCCAAACAGAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTACCTGAGCCTGACGCCCG  
 AGCAGTGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGA  
 AGACAGTGGCCCCCTACAGAATGTTCATGA

SEQ ID NO: 685

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLGWFVGGGTRLTVLGQPKANPTVT  
 LFPSSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 686

**16A4**

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGTATTTAGCCTGGTACCAGCAGAAAC  
 CTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTACATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACA  
 GGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAG  
 ATTTTGCAGTGTATTATTGTGACAGTACGGTAGCTCACCTTTCACTTTCGGCGGAGGGACCA  
 AGGTGGAGATCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGC  
 AGTTGAAATCTGGTACCGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA  
 AAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACAGAGC  
 AGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG  
 AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGA  
 GCTTCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 687

EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQOKPGQAPRLLIYGTSSRATG  
 IPDRFSGSGSDFTLTISRLEPEDFAVYYCQYQYSSPFTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNFPYAPREKRVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSSTLSLTLTK  
 ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 688

**16C1**

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGCCAGAGTGTTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAAC  
 CTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTTTGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACA



GGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCGGACTGGAGCCTGAAG  
 ATTTTGCAGTGTATCACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCA  
 AGGTGGAGATCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCCGCCATCTGATGAGC  
 AGTTGAAATCTGGTACCGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA  
 AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACAGAGC  
 AGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG  
 AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGA  
 GCTTCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 689

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI FGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSLTLSK  
 ADYEEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 690

**17H8**

GACATTGTATTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTGCCGGCAGCTACCTAGCCTGGTACCAGCAGAAAC  
 CTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTCTGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACA  
 GGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAG  
 ATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAAATCACCGATCACCTTCGGCCAAGGGACAC  
 GACTGGAGATGAAAGGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCCGCCATCTGATGAGC  
 AGTTGAAATCTGGTACCGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA  
 AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACAGAGC  
 AGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG  
 AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGA  
 GCTTCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 691

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLI SGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGRLEMKGTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSLTLSK  
 ADYEEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 692

**19B5**

CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAACGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCA  
 TCTCTTGTCTGGAAGCAGGTCCAACATCGGAAGCAATTTTGTAAGTGGTACAAGCAGCTCC  
 CAGGAACGGCCCCCAAAGTCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACC

GATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGG  
 ATGAGTCTGATTATTACTGCGCAACATGGGATGACAGTATGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAG  
 GGACCAAAGTACCGTCTTAGGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCACCCT  
 CCTCTGAGGAGCTTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGG  
 GAGCCGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCA  
 CACCCTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGC  
 AGTGGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGA  
 CAGTGGCCCCTACAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 693

QSALTQPPSTTGTTPGQRVTIISCSGSRSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSY  
 LSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 694

**20D3**

CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTACCA  
 TCTCTTGTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGCAATTTTGTAAACTGGTACAAGCAGCTCC  
 CAGGAACGGCCCCCAAAGTCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACC  
 GATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGG  
 ATGAGTCTGATTATTACTGTGCAACATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAG  
 GGACCAAGCTGACCGTCTTAGGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCACCCT  
 CCTCTGAGGAGCTTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGG  
 GAGCCGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCA  
 CACCCTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGC  
 AGTGGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGA  
 CAGTGGCCCCTACAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 695

QSALTQPPSATGTPGQRVTIISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSY  
 LSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 696

**22D1**

CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTACCA  
 TCTCTTGTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGCAATTTTGTAAACTGGTACAAGCAGCTCC  
 CAGGAACGGCCCCCAAAGTCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACC

GATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGG  
 ATGAGTCTGATTATTACTGTGCAACATGGGATGACAGTATGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAG  
 GGACCAAGCTGACCGTCTTAGGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCACCCT  
 CCTCTGAGGAGCTTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGG  
 GAGCCGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCA  
 CACCCTCCAAACAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGC  
 AGTGGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGA  
 CAGTGGCCCCTACAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 697

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSY  
 LSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 698

**22G10**

GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGTCACCCTGTCTCTGTCTCTAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGCAGCAACTTAGCCTGGTTCAGCAGAAACCTG  
 GCCAGGCTCCCAGACTCCTCATCTATGGTGCATTTACCAGGGCCACTGGTATCCCAGCCAGGG  
 TCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATT  
 TTGCAGTTTATTACTGTCAGCAGTATAATTACTGGCCGCTCACTTTCCGGCGGAGGGACCAAG  
 TGGAGATCAAGCGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGT  
 TGAAATCTGGTACCGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAAG  
 TACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACACAGAGCAGG  
 ACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGA  
 AACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT  
 TCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 699

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
 PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFI  
 FPPSDEQLKSGTASVCLLNFPYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTL  
 SKADYEEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 700

**23A10**

TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCA  
 TCACCTGCTCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATATGTTTGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCC  
 AGTCCCCTATACTGGTCATCTATCAAGATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCT

CTGGCTCCAACCTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGG  
 CTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGACCAAGCTGA  
 CCGTCCTAGGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCACCCTCCTCTGAGGAGC  
 TTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG  
 TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACCCTCCAAAC  
 AAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGCAGTGAAGTCCC  
 ACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTA  
 CAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 701

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVCWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYICQAWDSSTVVFGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQ  
 WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 702

**25F8**

CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCCACCA  
 TCTCTTGTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGGAATTTTGTAAACTGGTATAAGCAGCTCC  
 CAGGAACGGCCCCCAAAGTCCTCATTTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACC  
 GATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGG  
 ATGAGTCTGATTACTGTGCAGCATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAG  
 GGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCACCCT  
 CCTCTGAGGAGCTTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGG  
 GAGCCGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCA  
 CACCCTCCAAACAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGC  
 AGTGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGA  
 CAGTGGCCCCTACAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 703

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRPSPG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 704

**25G10**

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA  
 CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAAC  
 CTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTTTGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACA

GGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAG  
 ATTTTGCAGTGTATCACTGTCAGCAGTATGGTAACTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCA  
 AGGTGGAGATCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCCGCCATCTGATGAGC  
 AGTTGAAATCTGGTACCGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA  
 AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTACAGAGC  
 AGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG  
 AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGA  
 GCTTCAACAGGGGAGAGTGTTGA

SEQ ID NO: 705

EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIIFGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYHCQQYGNISPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLISLSTLTLSK  
 ADYEEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 706

**26D1**

CACTCTGTGCTGACTCAGTCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGACAGAGGGTACCA  
 TCTCTTGTCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTTGTAAACTGGTACCAGCAGCTCC  
 CAGGAACGGCCCCAACTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACC  
 GATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGG  
 ATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGTATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAG  
 GGACCAAGCTGACCGTCTTAGGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCCTCTGTTCCCACCCT  
 CCTCTGAGGAGCTTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGG  
 GAGCCGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCA  
 CACCCTCCAAACAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGC  
 AGTGGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGA  
 CAGTGGCCCCTACAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 707

HSVLTQSPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 708

**26F12**

CAGTCTGTGCTGACTCAGTCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGCAGAAGGTACCA  
 TCTCTTGTCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTTGTAAACTGGTACCAGCAGCTCC  
 CAGGAACGGCCCCAACTCCTCATCTATACTAATTATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACC

GATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGG  
 ATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGTATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAG  
 GGACCAAGCTGACCGTCTTAGGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCACCCCT  
 CCTCTGAGGAGCTTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGG  
 GAGCCGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCA  
 CACCCTCCAAACAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGC  
 AGTGGAAGTCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGA  
 CAGTGGCCCCTACAGAATGTTTCATGA

SEQ ID NO: 709

QSVLTQSPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 710

Таблица IIIc

**Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности**

**вариабельной и константной области тяжелой цепи**

**13586 HC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 4F3 VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
 YYADSVRGRFTISRDNKNTLFLQMSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLTVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPQVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
 FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSQVMHEALHN  
 HNTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 711

**13589 HC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 4A9 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWFAYFSYSGSTN  
 YNPSLKSRTLSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGTLLTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLISRTPQVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSQVMHEALHNHNT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 712

**13590 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNE  
 YYADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLTVSVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
 FYPDI AVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALHN  
 HYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 713

**13874 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKS RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDI WGQGMVTVS  
 SASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGL  
 YSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL  
 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSV  
 LTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCL  
 VKGFYPDI AVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEA  
 LHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 714

**13875 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKS RVTMSIDTSKNQFSLTLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPDI AVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 715

**13876 HC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKS RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGM DVWGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS

VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 716

**13877 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VH]::huIgG1z**

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSRAADTAVYHCAKGGMGYGGMDVWGQGTITVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY  
 SLSSVTVTPESSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 717

**13878 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVTPESSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 718

**13879 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVTPESSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 719

**13880 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VH]::huIgG1z**



QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
 RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 720

**13881 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTNYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDS  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 721

**13882 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 722

**13883 HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK

GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSEFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 723

**13885 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSEFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 724

**14022 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSQTLTSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYTGS  
 AYYNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSEFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 725

**14024 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P)  
 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
 AYYNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSEFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 726

**14025 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSQTLTSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYTGS

AYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 727

14026 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGLVKPKSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
 AYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 728

14027 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P,D111E)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGLVKPKSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
 AYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAREGSSGWYFQYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 729

14028 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-

472) (Q17E,H47P,D111E,W134Y) VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGLVKPKSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGS  
 AYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAREGSSGYYFQYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP

PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 730

**14029 HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGGLVKPSQTLSTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYTGS  
 AYYNPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 731

**14030 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G) VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWDGNSK  
 YYADSVRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLTVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 732

**14031 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G, T47A) VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWDGNSK  
 YYADSVRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLTVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 733

14032 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,R141Q)VH]::huIgG1z

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
 YYADSVRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTVTVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPQAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDNLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
 FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVCSVMHEALHN  
 HVTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 734

14033 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,R141Q) VH]::huIgG1z

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNK  
 YYAESVGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTVTVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPQAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDNLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
 FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVCSVMHEALHN  
 HVTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 735

14034 HC [hu anti-<huCDH19> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,W134Y,R141Q) VH]::huIgG1z

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNK  
 YYAESVGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGYFDLWGQGLTVTVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPQAVLQSSGLYSL  
 SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDNLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
 FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSVCSVMHEALHN  
 HVTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 736

14039 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (R17G,D61E,D72E,K94N) VH]::huIgG1z

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNK

YYAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 737

**14040 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLTLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGT LVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 738

**14041 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLKLSSSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGT LVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 739

**14042 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K,D109E)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSIDTSKNQFSLKLSSSLTAADTAVYFCAREGSSGWYRWFDPWGQGT LVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT

VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 740

**14043 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K,W132Y,W135Y) VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTMSIDTSKNQFSLKLSLTAADTAVYFCARDGSSGYRYFDPWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 741

**14044 HC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-469) (T92K) VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTMSIDTSKNQFSLKLSLTAADTAVYFCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 742

**14045 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSLTAADTALYYCARDSTRYRSGWYDAFDIWGQTMVTVS  
 SASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGL  
 YSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL  
 FPPPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSV  
 LTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCL  
 VKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEA  
 LHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 743

14046 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGWYDAFDIWGQGMVTVS  
 SASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGL  
 YSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL  
 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSV  
 LTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCL  
 VKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEA  
 LHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 744

14047 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E,W132Y)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGYYDAFDIWGQGMVTVS  
 SASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGL  
 YSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL  
 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSV  
 LTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCL  
 VKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEA  
 LHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 745

14048 HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGWYDAFDIWGQGMVTVS  
 SASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGL  
 YSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL  
 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSV  
 LTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCL  
 VKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEA  
 LHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 746

14049 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLTVTVSSASTKG



PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSQVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPVSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCVMHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 747

**14050 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRTVITSLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLTVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSQVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPVSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCVMHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 748

**14051 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-468) (W113Y)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRTVITSLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNYAFHFDYWGQGLTVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSQVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPVSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCVMHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 749

**14052 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-**

**471) (R17G,D61E,D72E,W134Y) VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKLEWVAVISYEGTNE  
 YYAESVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDYSFDYWGQGLTVSVSSAS  
 TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSQVHTFPAVLQSSGLYSL  
 SSVVTPVSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
 KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
 LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG

FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN  
HYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 750

**14053 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNE  
YYADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSAS  
TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPQAVLQSSGLYSL  
SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN  
HYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 751

**14054 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-471) (R17G)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNE  
YYADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSAS  
TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPQAVLQSSGLYSL  
SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN  
HYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 752

**14055 HC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-471) (R17G,D61E,D72E)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNE  
YYAESVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSAS  
TKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPQAVLQSSGLYSL  
SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP  
KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV  
LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG  
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN  
HYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 753

**14056 HC [hu anti-<huCDH19> 4A9 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWFAYFSYSGSTN  
 YNPSLKSrvTLsvDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGGQTLVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVDFSCVMHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 754

14057 HC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 4A9 (1-468) (F55I,A56G)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYFSYSGSTN  
 YNPSLKSrvTLsvDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGGQTLVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVDFSCVMHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 755

14058 HC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 4A9 (1-468) (F55I,A56G)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYFSYSGSTN  
 YNPSLKSrvTLsvDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGGQTLVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVDFSCVMHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 756

14059 HC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 4A9 (1-468) (F55I,A56G,W113Y)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYFSYSGSTN  
 YNPSLKSrvTLsvDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNYAFHFDFWGGQTLVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYSLSSV

VTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ  
 DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP  
 SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALHNHYT  
 QKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 757

**14060 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 758

**14061 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 759

**14062 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-469) (W133Y)  
 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 760

14063 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-469) (W133Y)VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 761

14064 HC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-469) (W133Y)VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 762

14065 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (S82R,A99E)VH]::huIgG1z

EVQLLESQGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISRDNKSTLYLQMNSLRAEDVAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTITVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY  
 SLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 763

14066 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (A99E,H105Y)VH]::huIgG1z

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQTTVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY  
 SLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 764

14067 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (A99E)

VH]::huIgG1z

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNSLRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQTTVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY  
 SLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 765

14068 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (A99E)

VH]::huIgG1z

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNSLRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQTTVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY  
 SLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 766

14069 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (D72E,A99E)

VH]::huIgG1z

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYAESVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNSLRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQTTVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY

SLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDDKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 767

14070 HC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-470) (H105Y)

VH]::huIgG1z

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANT  
 YYADSVKGRFTISSDNSKSTLYLQMNSLRAADTAVYYCAKGGMGYYYGMDVWGQGTIVTVSS  
 ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLY  
 SLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDDKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEAL  
 HNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 768

14071 HC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 (1-474) (T144L)

VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYWVSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTN  
 YNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGTIV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDDKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS  
 VFLFPPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 769

14072 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGTIVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSKVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDDKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF  
 PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL  
 TVLHQQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLV  
 KGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH

NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 770

14073 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-469) (W133Y)

VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 771

14074 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 772

14075 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 773

14076 HC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-469) (W133Y)

VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST



SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 774

14077 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-474) (L92Q)

VH]::huIgG1z

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
 YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS  
 VFLFPPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 775

14078 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-474) (R17G,L92Q)

VH]::huIgG1z

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
 YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS  
 VFLFPPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 776

14079 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-

474) (R17G,D61E,D72E,L92Q) VH]::huIgG1z

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNK  
 YYAESVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS

VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 777

**14080 HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 VH]::huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNK  
 YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTV  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS  
 VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 778

**14081 HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 779

**14082 HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 (1-469) (D109E,W132Y,W135Y) VH]::huIgG1z**

QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTN  
 YNPSLKSRTMSVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAREGSSGYRYFDPWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 780

**14083 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTSY YMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGIK LWLHFDYWGQGLT LVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVT VSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD  
 TLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNQKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 781

**14084 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTSY YMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGIK LWLHFDYWGQGLT LVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVT VSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD  
 TLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNQKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 782

**14085 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTSY YMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGIK LWLHFDYWGQGLT LVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVT VSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD  
 TLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNQKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 783

**14086 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTSY YMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTV YMELSSLRSEDTAVYYCARGGIK LWLHFDYWGQGLT LVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVT VSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD  
 TLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT

VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 784

**14087 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-469) (W133Y)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLYLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 785

**14088 HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-469) (R27G,G82R)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDT  
 TYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 786

**14089 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASRYTFTNYMSWVRQAPGQGLEWMGIIINPSGGDS  
 TYAQKFQGRRLTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 787

**14090 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDS  
 TYAQKFQGRLLTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 788

**14091 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-469) (W133Y)****VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDS  
 TYAQKFQGRLLTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 789

**14092 HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-469) (W133Y)****VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDS  
 TYAQKFQGRLLTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 790

**14093 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
 RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS

LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 791

**14094 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
 RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTQVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 792

**14095 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-469) (F90Y)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
 RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTQVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 793

**14096 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-469) (F90Y)**

**VH]::huIgG1z**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
 RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTQVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH

NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 794

14097 HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-469) (F90Y,W133Y)

VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGST  
 RYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHFDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 795

14098 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 796

14099 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 797

14100 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-469) (W133Y)

VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST

SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 798

14101 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-469) (W133Y)

VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLYLHLDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 799

14102 HC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-469) (F90Y)

VH]::huIgG1z

QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVST  
 SYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTVTVSSA  
 STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS  
 LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFP  
 PKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT  
 VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK  
 GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALH  
 NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 800

13591 HC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VH]::huIgG1z

QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSNSTN  
 YNPSLKSRTVITSLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLTVTVSSASTKG  
 PSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSV  
 VTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPKPK  
 DTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ



DWLNKKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 801

**14301 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 VH] : :huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYDGSNKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYIYGMVDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 802

**14302 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (R17G,K94N)**

**VH] : :huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYDGSNKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYIYGMVDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 803

**14303 HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (D61E,D72E)**

**VH] : :huIgG1z**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYEGSNKYYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYIYGMVDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 804

**14304\_HC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-477) (R17G) VH]::huIgG1z**  
 QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKN  
 YYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYGMDVWGQGT  
 TVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSQVHTFPAVLQS  
 SGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS  
 VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV  
 VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSL  
 TCLVKGFFPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCSSVM  
 HEALHNHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 805

**ТАБЛИЦА IIIд**

**Полинуклеотидные и аминокислотные последовательности**

**вариабельной и константной области легкой цепи**

**13586 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 806

**13589 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 VL]::huLLC-C1**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQFPGTAPKLLIYGNNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLGQPKANPTVT  
 LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 807

**13590 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYHQRPQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 808

**13874 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 VL]::huKLC**

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQTRLEMKGTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSK  
 ADYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 809

**13875 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIIFGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFI FPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSK  
 ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 810

**13876 LC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SFPFTFGGGKVEIKRTVAAPSVFI FPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSK  
 ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 811

**13877 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]::huKLC**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
 PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 812

**13878 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 VL]::huLLC-C2**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSRTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 813

**13879 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 VL]::huLLC-C2**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSRTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 814

**13880 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 VL]::huLLC-C2**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSRTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 815

**13881 LC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VL]::huLLC-C2**

QSVLTQSPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSRTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 816

**13882 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VL]::huLLC-C2**

HSVLTQSPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSRTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 817

**13883 LC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLTK  
 ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 818

**13885 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 VL]::huLLC-C2**

QSALTQPPSTTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSRTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 819

**14022 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q) VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFTVYYCQQYGS SFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLTKA  
 DYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 820

**14024 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A, P141Q) VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGS SFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLTKA

DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 821

14025 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A)

VL] : :huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 822

14026 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A)

VL] : :huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 823

14027 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A, P141Q)

VL] : :huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 824

14028 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (N30Q, T102A, P141Q)

VL] : :huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 825

14029 LC [hu anti-<huCDH19> 4A2 (1-236) (R29Q, N30S)

VL] : :huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSISISSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFTVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 826

**14030 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 827

**14031 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 828

**14032 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 829

**14033 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 830

**14034 LC [hu anti-<huCDH19> 4F3 VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 831

**14039 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL]::huLLC-C1**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYICQAWESSTVVFGGTKLTVLGQPKANPTVTLFPPS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNKYAASSYLSLTPEQ

WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 832

14040 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSK  
ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 833

14041 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSK  
ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 834

14042 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISGLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSK  
ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 835

14043 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSK  
ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 836

14044 LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-

235) (G95R, H105Y, G141Q) VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSK  
ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 837

14045 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (G149R)VL]::huKLC

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGTRLEMKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSTYLSSTLTLSK  
 ADYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 838

14046 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (G149R)VL]::huKLC

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGTRLEMKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSTYLSSTLTLSK  
 ADYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 839

14047 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (G149R)VL]::huKLC

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGTRLEMKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSTYLSSTLTLSK  
 ADYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 840

14048 LC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-235) (S57Y,G149R)VL]::huKLC

DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGTRLEMKRTVAAPSVFIFPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSTYLSSTLTLSK  
 ADYKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 841

14049 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-239) (H57Y) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLGWFVGGGTRTLTVLGQPKANPTVT  
 LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 842



14050 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-239) (H57Y,D110E)

VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESSLSGWVFGGGTRLTVLGQPKANPTVT  
LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 843

14051 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 (1-239) (D110E) VL]::huLLC-

C2

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS  
GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESSLSGWVFGGGTRLTVLGQPKANPTVT  
LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 844

14052 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 845

14053 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 846

14054 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 847

14055 LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T)

**VL] : : huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSN TYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
 DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKA  
 DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 848

**14056 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L) VL] : : huLLC-**

**C1**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRSLSGWVFGGGTKLTVLGQPKANPTVT  
 LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 849

**14057 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L) VL] : : huLLC-**

**C1**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRSLSGWVFGGGTKLTVLGQPKANPTVT  
 LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 850

**14058 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L,D110E)**

**VL] : : huLLC-C1**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESRSLSGWVFGGGTKLTVLGQPKANPTVT  
 LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 851

**14059 LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 (1-239) (F47L,D110E)**

**VL] : : huLLC-C1**

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS  
 GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESRSLSGWVFGGGTKLTVLGQPKANPTVT  
 LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLS  
 LTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 852

**14060 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (S102A)**

**VL] : : huLLC-C2**

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTL FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSN  
 NKYAASSYLSTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 853

14061 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A)

VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTL FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSN  
 NKYAASSYLSTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 854

14062 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A)

VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTL FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSN  
 NKYAASSYLSTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 855

14063 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-

235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESLOGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTL FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSN  
 NKYAASSYLSTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 856

14064 LC [hu anti-<huCDH19> 20D3.1 (1-235) (W109Y)

VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATYDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
 VTL FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSN  
 NKYAASSYLSTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 857

14065 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]::huKLC

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
 PARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKRTVAAPSVFI  
 FPPS

DEQLKSGTASVVCLLNFFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYLSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 858

**14066 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]::huKLC**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNFFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYLSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 859

**14067 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-234) (Q97E,S98P)  
VL]::huKLC**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNFFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYLSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 860

**14068 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-  
234) (V78F,Q97E,S98P) VL]::huKLC**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNFFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYLSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 861

**14069 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 (1-  
234) (V78F,Q97E,S98P) VL]::huKLC**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNFFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYLSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 862

**14070 LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]::huKLC**

EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGI  
PARVSGSGSGTEFTLTISSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPS  
DEQLKSGTASVVCLLNFFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYLSSTLTLSKA  
DYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 863

14071 LC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 (1-235) (G141Q)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSSRATG  
IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP  
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLTK  
ADYEEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 864

14072 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-235) (K45Q,S102A)

VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSTTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA  
ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 865

14073 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-235) (K45Q,S102A)

VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSTTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA  
ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 866

14074 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-

235) (T11V,K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSVTGTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA  
ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 867

14075 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-

235) (T11V,K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSVTGTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPS  
VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA  
ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 868

14076 LC [hu anti-<huCDH19> 19B5.1 (1-

**235) (T11V,K45Q,S102A,W109Y,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2**

QSALTQPPSVTGTTPGQRVTIISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 869

**14077 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S)****VL]::huLLC-C2**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQ  
 WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 870

**14078 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S)****VL]::huLLC-C2**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQ  
 WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 871

**14079 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S,D110E)****VL]::huLLC-C2**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQ  
 WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 872

**14080 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42Y)****VL]::huLLC-C2**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVYWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQ  
 WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 873

**14081 LC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 (1-235) (H105Y)****VL]::huKLC**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSK  
 ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 874

14082 LC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 (1-235) (H105Y)

VL]::huKLC

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATG  
 IPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPP  
 SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSSTLTLSK  
 ADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

SEQ ID NO: 875

14083 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (S7P)

VL]::huLLC-C2

HSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 876

14084 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P)

VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 877

14085 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y)

VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 878

14086 LC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 (1-

235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG

VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLOGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 879

14087 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLOGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 880

14088 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 881

14089 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 26F12.1 (1-235) (S7P) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 882

14090 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDES LN GWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
 FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
 TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 883

14091 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDES LN GWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL



FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 884

14092 LC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 (1-235) (S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLOGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 885

14093 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRN FVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 886

14094 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRN FVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 887

14095 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRN FVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 888

14096 LC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRN FVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDES LN W V F G G G T K L T V L G Q P K A A P S V T L  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSL

TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 889

14097 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDESLOGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 890

14098 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 891

14099 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 892

14100 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,W109Y,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 893

14101 LC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,W109Y) VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSG  
VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTL  
FPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTTPSKQSNNKYAASSYLSL  
TPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 894

14102 LC [hu anti-<huCDH19> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A)VL]::huLLC-C2

QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRP  
 VPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLGQP  
 KAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTT  
 PSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 895

13591 LC [hu anti-<huCDH19> 4F7 VL]::huLLC-C1

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNS  
 NRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLSGWVFGGGTR  
 LTVLGQPKANPTVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPV  
 KAGVETTKPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAP  
 TECS

SEQ ID NO: 896

14301 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (D110E) VL]::huLLC-C1

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGKEYTCWYQQRPGQSPLLVIYQDTRP  
 SGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGGTKLTVL  
 GQPKANPTVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKA  
 GVETTKPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 897

14302 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (C42S,D110E)VL]::huLLC-C1

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRP  
 SGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGGTKLTVL  
 GQPKANPTVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKA  
 GVETTKPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 898

14303 LC [hu anti-<huCDH19> 2G6 (1-234) (C42S,D110E)VL]::huLLC-C1

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRP  
 SGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGGTKLTVL  
 GQPKANPTVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKA  
 GVETTKPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 899

14304 LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42S)

**VL] : :huLLC-C2**

SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRIDGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIP  
 ERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYQCQAWDSSTVVFGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPS  
 SEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNKYAASSYLSTPEQ  
 WKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

SEQ ID NO: 900

**ТАБЛИЦА IVa****CDR ТЯЖЕЛЫХ ЦЕПЕЙ**

Ab	Тип	CDR 1	CDR 2	CDR 3
14039	AA	SYGMH	FIWYEGSNKYAESVKD	RAGIIGTIGYYYGMDV
14303		SEQ ID NO: 28	SEQ ID NO: 901	SEQ ID NO: 30
14027	AA	SSGYWS	YIYYTGSAYYNPSLKS	EGSSGWYFQY
		SEQ ID NO: 46	SEQ ID NO: 47	SEQ ID NO: 902
14028	AA	SSGYWS	YIYYTGSAYYNPSLKS	EGSSGYFQY
		SEQ ID NO: 46	SEQ ID NO: 47	SEQ ID NO: 903
14059	AA	GYYSWS	YFSYSGSTNYNPSLKS	NYAFHFDF
		SEQ ID NO: 52	SEQ ID NO: 53	SEQ ID NO: 904
14052	AA	SYDMH	VISYEGTNEYAESVKG	ERYFDYSFDY
		SEQ ID NO: 58	SEQ ID NO: 905	SEQ ID NO: 906
14055	AA	SYDMH	VISYEGTNEYAESVKG	ERYFDWSFDY
		SEQ ID NO: 58	SEQ ID NO: 905	SEQ ID NO: 60
14033	AA	SYDMD	VIWYEGSNKYAESVRG	ETGEGWYFDL
		SEQ ID NO: 70	SEQ ID NO: 907	SEQ ID NO: 72
14034	AA	SYDMD	VIWYEGSNKYAESVRG	ETGEGYYFDL
		SEQ ID NO: 70	SEQ ID NO: 907	SEQ ID NO: 908
14051	AA	SYSWS	YIYYSGSTNYNPSLKS	NYAFHFQY
		SEQ ID NO: 82	SEQ ID NO: 83	SEQ ID NO: 909
14046	AA	SYYWS	YIYYIGSTNYNPSLKS	ESRYRSGWYDAFDI
14048		SEQ ID NO: 94	SEQ ID NO: 95	SEQ ID NO: 910
14047	AA	SYYWS	YIYYIGSTNYNPSLKS	ESRYRSGYYDAFDI
		SEQ ID NO: 94	SEQ ID NO: 95	SEQ ID NO: 911
14042	AA	GYYSWS	YIYYIGSTNYNPSLKS	EGSSGWYRWFDP
		SEQ ID NO: 100	SEQ ID NO: 101	SEQ ID NO: 912
14043	AA	GYYSWS	YIYYIGSTNYNPSLKS	DGSSGYRYFDP
		SEQ ID NO: 100	SEQ ID NO: 101	SEQ ID NO: 913
14069	AA	SYAMN	TISGGGANTYYAESVKG	GGMGGYYYGMDV
		SEQ ID NO: 118	SEQ ID NO: 914	SEQ ID NO: 120

14062	AA	SYFIH	IINPISVSTSYAQKFQG	GGIQLYLHFDY
14063		SEQ ID NO: 124	SEQ ID NO: 125	SEQ ID NO: 915
14064				
14100	AA	SYFIH	IINPISVSTSYAQKFQG	GGIQLYLHLDY
14101		SEQ ID NO: 130	SEQ ID NO: 131	SEQ ID NO: 916
14097	AA	SYIIH	IINPSGGSTRYAQKFQG	GGIQLYLHFDY
		SEQ ID NO: 136	SEQ ID NO: 137	SEQ ID NO: 917
14091	AA	NYYMS	IINPSGGDSTYAQKFQG	GGIQLYLHFDY
14092		SEQ ID NO: 142	SEQ ID NO: 143	SEQ ID NO: 918
14087	AA	SYYMS	IIHPSGGDTTYAQKFQG	GGIKLYLHFDY
		SEQ ID NO: 148	SEQ ID NO: 149	SEQ ID NO: 919
14082	AA	GYYS	YIYYIGSTNYNPSLKS	EGSSGYRYFDP
		SEQ ID NO: 154	SEQ ID NO: 155	SEQ ID NO: 920
14079	AA	RYGIH	VIWYEGSNKYAESVKG	RAGIPGTTGYYGMDV
		SEQ ID NO: 160	SEQ ID NO: 921	SEQ ID NO: 162
14073	AA	SYFIH	IINPISVSTSYAQKFQG	GGIQLYLHLDY
		SEQ ID NO: 1	SEQ ID NO: 2	SEQ ID NO: 3
14076	AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	RAGIIGTTGYYGMDV
		SEQ ID NO: 4	SEQ ID NO: 5	SEQ ID NO: 6

ТАБЛИЦА IVb

## CDR ЛЕГКОЙ ЦЕПИ

Ab	Тип	CDR 1	CDR 2	CDR 3
14039	AA	SGDRLGEKYTS	QDTKRPS	QAWESSTVV
14302		SEQ ID NO: 922	SEQ ID NO: 197	SEQ ID NO: 923
14303				
14301	AA	SGDRLGEKYTC	QDTKRPS	QAWESSTVV
		SEQ ID NO: 196	SEQ ID NO: 197	SEQ ID NO: 923
14022	AA	RASRQISSSYLA	GPSSRAT	QQYGSSFT
14024				
14025				
14026		SEQ ID NO: 924	SEQ ID NO: 215	SEQ ID NO: 216
14027				
14028				
14029	AA	RASQSISSSYLA	GPSSRAT	QQYGSSFT
		SEQ ID NO: 925	SEQ ID NO: 215	SEQ ID NO: 216
14058	AA	TGSSNIGTGYAVH	GNNNRPS	QSYESRLSGWV
14059		SEQ ID NO: 220	SEQ ID NO: 221	SEQ ID NO: 926

14050	AA	TGSSSNIGTYDVH	GNSNRPS	QSYESSLSGWV
14051		SEQ ID NO: 250	SEQ ID NO: 251	SEQ ID NO: 927
14063	AA	SGSSSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATWDESLQGJV
		SEQ ID NO: 292	SEQ ID NO: 293	SEQ ID NO: 928
14064	AA	SGSSSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATYDDSLNGV
		SEQ ID NO: 292	SEQ ID NO: 293	SEQ ID NO: 929
14099	AA	SGSSSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATWDESMQGV
		SEQ ID NO: 298	SEQ ID NO: 299	SEQ ID NO: 930
14100	AA	SGSSSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATYDESMQGV
		SEQ ID NO: 298	SEQ ID NO: 299	SEQ ID NO: 931
14101	AA	SGSSSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATYDDSMNGV
		SEQ ID NO: 298	SEQ ID NO: 299	SEQ ID NO: 932
14096	AA	SGSSSNIGRNFVN	TNNQRPS	AAWDESLNGV
		SEQ ID NO: 304	SEQ ID NO: 305	SEQ ID NO: 933
14097	AA	SGSSSNIGRNFVN	TNNQRPS	AAWDESLQGV
		SEQ ID NO: 304	SEQ ID NO: 305	SEQ ID NO: 934
14090	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNYQRPS	AVWDESLNGV
14091		SEQ ID NO: 310	SEQ ID NO: 311	SEQ ID NO: 935
14092	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNYQRPS	AVYDESLQGV
		SEQ ID NO: 310	SEQ ID NO: 311	SEQ ID NO: 936
14085	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNNQRPS	AVYDDSLNGV
		SEQ ID NO: 316	SEQ ID NO: 317	SEQ ID NO: 937
14086	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNNQRPS	AVYDESLQGV
14087		SEQ ID NO: 316	SEQ ID NO: 317	SEQ ID NO: 938
14077	AA	SGDRLGEKYVS	QDNKWPS	QAWDSSTVV
14078		SEQ ID NO: 939	SEQ ID NO: 329	SEQ ID NO: 330
14304				
14079	AA	SGDRLGEKYVS	QDNKWPS	QAWESSTVV
		SEQ ID NO: 939	SEQ ID NO: 329	SEQ ID NO: 940
14080	AA	SGDRLGEKYVY	QDNKWPS	QAWDSSTVV
		SEQ ID NO: 941	SEQ ID NO: 329	SEQ ID NO: 330
14075	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATWDESMQGV
		SEQ ID NO: 334	SEQ ID NO: 335	SEQ ID NO: 942
14076	AA	SGSRSNIGSNFVN	TNNQRPS	ATYDESMQGV
		SEQ ID NO: 334	SEQ ID NO: 335	SEQ ID NO: 943

Последовательности кадгерина-19 человека и яванского макака

SEQ ID NO.	ОБОЗНАЧЕНИЕ	ИСТОЧНИК	ТИП	ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ
944	Human Cadherin-19	Human	aa	<p>MNCYLLLRFMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVKQVVRSHLRVKRGWVWNQFFVPEEMNTTSH  HIGQLRSDLDNGNNSFYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIQKLDREERSLYILRAQVIDI  ATGRAVEPESEFVIKVSVDINDNEPKFLDEPYEAIVPEMSPEGTLVIQVTASDADDPSSGNN  ARLLYSLLQGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDEYWVIIQAKDMIGQPGALSGTTSVLI  KLSDVNDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGTIMAYDNDIGENAEMDYSIEEDDSQTFDI  ITNHETQEGIVILKKKVD FEHQNHYGIRAKVKNHHVPEQLMKYHTEASTTFIKIQVEDVDE  PPLFLLPYVFEVFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRSKVFNINDNGTITTSNS  LDREISAWYNLSITATEKYNIEQISSIPLYVQVLNINDHAPEFSQYYETYVCENAGSGQVI  QTISAVDRDESIEEHFHFNLSVEDTNSSFTIIDNQDNTAVILTNRTGFNLQEEPVFYIS  ILIADNGIPSLTSTNTLTIHVCDGDSGSTQTCQYQELVLSMGFKTEVIAILICIMIIIFG  FIFLTGLKQRRKQILFPEKSEDFRENI FQYDDEGGGEEDTEAFDIAELRSSTIMRERKTR  KTTSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGLAGS  LSSLESAVSDQDES YDYLNELGPRFKRLACMFGSAVQSNN</p>
945	кадгерин-19 человека	Человек	nt	<p>atgaactgttatctactgctgcggtttatggtgggaattcctctcctatggccttgtcttg  gagcaacagaaaactctcaacaagaagcaagcagccagtgcgatctcatttgagagt  gaagcgtggctgggtgtggaaccaatTTTTGTACCAGAGGAAATGAATACGACTAGTCAT  CACATCGGCCAGCTAAGATCTGATTTAGACAATGGAACAATCTTTCCAGTACAAGCTTT  TGGGAGCTGGAGCTGGAAGTACTTTTATCATTGATGAAAGAACAGGTGACATATATGCCAT</p>

			<p>acagaagcttgatagagaggagcgcgatccctctacatcttaagagcccaggtaatagacatc gctactggaagggctgtggaacctgagctctgagtttgatcaaaagtttcggatatcaatg acaatgaacaaaattcctagatgaaccttatgaggccattgtaccagagatgtctccaga aggaacattagttatccaggtgacagcaagtgatgctgacgatccctcaagtggtaataat gctcgtctcctctacagcttacttcaaggccagccatatttttctggtgaaccaacaacag gagtcataagaatatcttctaaaatggatagagaactgcaagatgagtattgggtaatcat tcaagccaaggacatgattggtcagccaggagcgttgctggaacaacaagtgtattaatt aaactttcagatgttaatgacaataagcctataatttaaagaaagtttataccgcttgactg tctctgaatctgcaccactgggacttctataggaacaatcatggcatatgataatgacat aggagagaatgcagaaatggattacagcattgaagaggatgattcgcaaacatttgacatt attactaatcatgaaactcaagaaggaatagttatattaaaaagaaagtggttttgagc accagaaccactacggatttagagcaaaagttaaaaaccatcatgttcctgagcagctcat gaagtaccacactgaggcttcaccactttcattaagatccagggtggaagatggtgatgag cctcctcttttctccttccatattatgtatttgaagtttttgaagaaaccccacagggat catttgtaggcgtggtgtctgccacagaccagacaataggaaatctcctatcaggtattc tattactaggagcaaagtgttcaatatcaatgataatggtacaatcactacaagtaactca ctggatcgtgaaatcagtgcttggtacaacctaagtattacagccacagaaaaatacaata tagaacagatctcttcgatcccactgtatgtgcaagttcttaacatcaatgatcatgctcc tgagttctctcaatactatgagacttatgtttgtgaaaatgcaggctctggtcaggtaatt cagactatcagtgacgtggatagagatgaatccatagaagagcaccatttttactttaatc tatctgtagaagacactaacaattcaagttttacaatcatagataatcaagataacacagc tgtcattttgactaatagaactggttttaaccttcaagaagaacctgtcttctacatctcc atcttaattgccgacaatggaatcccgtcacttacaagtacaaacacccttaccatccatg</p>
--	--	--	--



				<p>tctgtgactgtggtgacagtgggagcacacagacctgccagtaccaggagcttgtgctttc  catgggattcaagacagaagtcatcattgctatttctcatttg cattatgatcatat tttggg  tttatttttttgactttgggttaaaacaacggagaaaacagattctatttcctgagaaaa  gtgaagatttcagagagaatatattccaatatgatgatgaaggggggtggagaagaagatac  agaggcctttgatatagcagagctgaggagtagtaccataatg cgggaacgcaagactcgg  aaaaccacaagcgctgagatcaggagcctatacaggcagtctttgcaagttggccccgaca  gtgccatattcaggaaattcattctggaaaagctcgaagaagctaatactgatccgtgtgc  ccctccttttgattccctccagacctacgcttttgagggaacagggtcattagctggatcc  ctgagctccttagaatcagcagtctctgatcaggatgaaagctatgattaccttaatgagt  tgggacctcgctttaaaagattagcatgcatggttggttctgcagtg cagtcaataatta  g</p>
946	Кадгерин-19 яванского макака	Macaca fascicul aris	aa	<p>MNCYLLLPFMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVQQPVGSHLRV KRGWVWNQFFVPEEMNTTSH  HVGRLRSDLNNGNNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIEKLDREERSLYILRAQVIDI  TTGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPKFLDEPYEAI VPMSPEGLVIQVTASDADDPSSGNN  ARLLYSLLQGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQDEYWV I IQAKDMIGQPGALS GTTSVLI  KLSDVNDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGTIMAYDNDIGENAEMDYSIEEDDSQTFDI  ITNHETQEGIVILKKKVNFEHQNHYGIRAKVKNHHVDEQLMKYHTEASTTFIKIQVEDVDE  PPLFLLPYYIFEIFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRSKVFNI DDNGTITTTNS  LDREISAWYNLSITATEKYNIEQISSIPVYVQVLNINDHAPEFSQYYESYVCENAGSGQVI  QTISAVDRDESIEEHFNFNLSVEDTNSSSFTIIDNQDNTAVILTNRTGFNLQEEPIFYIS  ILIADNGIPSLTSTNTLTIHVCD CDDSGSTQTCQYQELMLSMGFKTEV I IAILICIMVIFG  FI FLTLGLKQRRKQILFPEKSEDFRENI FRYDDEGGGEEDTEAFDVAALRSSTIMRERKTR  KT TSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEADTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGLAGS</p>

				LSSLESASVSDQDES YDYLNELGPRFKRLACMFGSAVQSN
947	Кадгерин-19 яванского макака	Macaca fascicul aris	nt	ATGAATTGTTATTTACTGCTGCCTTTTATGTTGGGAATTCCTCTCCTATGGCCTTGTCTTG GAGCAACAGAAAAC TCTCAAACAAAGAAAGTCCAGCAGCCAGTAGGATCTCATCTGAGAGT GAAGCGTGGCTGGGTGTGGAACCAATTTTTTGTACCAGAGGAAATGAATACGACTAGTCAT CACGTTGGCCGGCTAAGATCTGATTTAGACAATGAAACAATTCTTTCCAGTACAAGCTTT TGGGAGCTGGAGCTGGAAGTACTTTTATCATTGATGAAAGAACAGGTGACATATATGCCAT AGAGAAGCTTGATAGAGAGGAGCGATCCCTCTACATCTTAAGAGCCCAGGTAATAGACATC ACTACTGGAAGGGCTGTGGAACCTGAGTCTGAGTTTGTTCATCAAAGTTTCGGATATCAATG ACAATGAACCAAAATTCCTAGATGAACCTTATGAGGCCATTGTACCAGAGATGTCTCCAGA AGGAACATTAGTCATCCAGGTGACAGCAAGTGATGCTGATGACCCTTCAAGTGGTAATAAT GCTCGTCTCCTCTACAGCTTATTACAAGGCCAGCCATATTTTTCTGTTGAACCAACAACAG GAGTCATAAGAATATCTTCTAAAATGGATAGAGAACTGCAAGATGAGTATTGGGTAATCAT TCAAGCCAAGGACATGATTGGTCAGCCAGGAGCGTTGTCTGGAACAACGAGTGTATTAATT AAACTTTCAGATGTTAATGACAATAAGCCTATATTTAAAGAAAGTTTATACCGCCTGACGG TCTCTGAATCTGCACCCACTGGGACTTCTATAGGAACAATCATGGCATATGATAATGACAT AGGAGAGAATGCAGAAATGGATTACAGCATTGAAGAGGATGATTCACAGACATTTGACATT ATTACTAATCATGAAACTCAAGAAGGAATAGTTATATTTAAAAAGAAAGTGAATTTTGAGC ACCAGAACCACTATGGTATTAGAGCAAAAGTTAAAAACCATCATGTTGATGAGCAGCTCAT GAAATACCACACTGAAGCTTCCACCACTTTCATTAAGATCCAGGTGGAAGATGTTGATGAG CCTCCTCTTTTCTCCTTCCGTATTACATATTTGAAATTTTTGAAGAAACCCACAAGGAT CATTTGTAGGCGTGGTGTCTGCCACAGACCCAGACAATAGGAAATCTCCTATCAGGTATTC TATTACTAGGAGCAAAGTGTTCAATATCGATGATAATGGTACAATCACTACAACCTAACTCA CTGGATCGGGAAATCAGTGCTTGGTACAACCTAAGTATTACAGCCACAGAAAAATACAATA

				<p>TAGAGCAGATCTCTTCGATCCCAGTGTATGTGCAAGTTCTTAATATCAATGATCATGCTCC  TGAGTTCTCTCAATACTATGAGAGTTATGTTTGTGAAAATGCAGGCTCTGGTCAGGTAATT  CAGACTATCAGTGCAGTGGATAGAGATGAATCCATAGAAGAGCACCATTTTTACTTTAATC  TATCTGTAGAAGACACTAACTCTTCAAGTTTTACAATCATAGACAATCAAGATAACACAGC  TGTCATTTTACTAATAGAACTGGTTTTAACCTTCAAGAAGAGCCCATCTTCTACATCTCC  ATCTTAATTGCCGACAATGGAATCCCGTCACTTACAAGTACAAACACCCTTACCATCCATG  TCTGTGACTGTGATGACAGTGGGAGCACACAGACCTGCCAGTACCAGGAGCTTATGCTTTC  CATGGGATTCAGACAGAAGTCATCATTGCTATTCTCATTTCATTATGGTAATATTTGGG  TTTATTTTTTTGACTTTGGGTTTTAAAACAACGGAGAAAACAGATTCTATTTCTGAGAAAA  GTGAAGATTTAGAGAGAATATATTCGATATGATGACGAAGGGGGTGGAGAAGAAGATAC  AGAGGCCTTTGACGTAGCAGCGCTGAGGAGTAGCACCATAATGCGGGAACGCAAGACTCGG  AAAACCACCAGCGCTGAGATCAGGAGCCTATACAGGCAGTCTTTGCAAGTTGGCCCCGACA  GTGCCATATTCAGGAAGTTCATCCTGGAAAAGCTCGAAGAAGCTGATACTGATCCGTGTGC  CCCTCCTTTTGATTCCTCCAGACCTACGCTTTTGAGGGAACAGGGTCATTAGCTGGATCC  CTGAGCTCCTTAGAATCAGCTGTCTCTGATCAGGATGAAAGCTATGATTACCTAACGAGT  TGGGACCTCGCTTTAAAAGATTAGCATGCATGTTTGGTTCTGCAGTGCAGTCAAATAATTA  G</p>
948	секретируе- мый эктодомен кадгерина-19 (амино- кислоты 1-	Человек	aa	<p>MNCYLLLRFMLGIPLLPCLGATENSQTKKVKQPVRSHLRVLRGWVWNQFFVPEEMNTTSH  HIGQLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIQKLDREERSLYILRAQVIDI  ATGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPKFLDEPYEAI VPEMSPEGTLVIQVTASDADDPSSGNN  ARLLYSLLQGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQDEYWV I IQAKDMIGQPGALS GTTSVLI  KLSDVNDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGT IMAYDNDIGENAEMDYSIEEDDSQTFDI  ITNHETQEGIVILKKKVD FEHQNHYGIRAKVKNHHVPEQLMKYHTEASTTFIKIQVEDVDE</p>

	596)			PPLFLLPYVFEVFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRSKVFNINDNGTITTSNS LDREISAWYNLSITATEKYNIEQISSIPLYVQVLNINDHAPEFSQYYETYVCENAGSGQVI QTISAVDRDESIEEHFYFNLSVEDTNSSFTIIDNQDNTAVILTNRTGFNLQEEPVFYIS ILIADNGIPSLTSTNTLTIHVCDGDSGSTQTCQYQELVLSMGFKTE
949	секретируе- мый эктодомен кадрегина-19 (амино- кислоты 1- 596)	Человек	nt	atgaactggtatctactgctgcggtttatggtgggaattcctctcctatggccttgtcttg gagcaacagaaaactctcaaacaagaaagtcaagcagccagtgcgatctcatttgagagt gaagcgtggctgggtgtggaaccaatttttgtaccagaggaaatgaatacgactagtcac cacatcggccagctaagatctgatttagacaatggaaacaattctttccagtacaagcttt tgggagctggagctggaagtacttttatcattgatgaaagaacaggtgacatatatgccat acagaagcttgatagagaggagcgcgatccctctacatcttaagagcccaggtaatagacatc gctactggaagggctgtggaacctgagctctgagtttgtcatcaaagtttcggatatcaatg acaatgaacaaaattcctagatgaaccttatgaggccattgtaccagagatgtctccaga aggaacattagttatccagggtgacagcaagtgatgctgacgatccctcaagtggtaataat gctcgtctcctctacagcttacttcaaggccagccatatttttctggttgaaccaacaacag gagtcataagaatatcttctaaaatggatagagaactgcaagatgagattgggtaatcat tcaagccaaggacatgattgggtcagccaggagcgttgtctggaacaacaagtgtattaatt aaactttcagatgttaatgacaataagcctatatttaaagaaagtttataccgcttgactg tctctgaatctgcacccactgggacttctataggaacaatcatggcatatgataatgacat aggagagaatgcagaaatggattacagcattgaagaggatgattcgcaaacatttgacatt attactaatcatgaaactcaagaaggaatagttatattaaaaagaaagtggttttgagc accagaaccactacggtattagagcaaaagttaaaaaccatcatgttcctgagcagctcat gaagtaccacactgaggcttccaccactttcattaagatccagggtggaagatggtgatgag cctcctcttttctccttccatattatgtatgtttgaagtttttgaagaaacccacagggat

				<p>catttgtaggcgtggtgtctgccacagaccagacaataggaaatctcctatcaggtattc  tattactaggagcaaagtgttcaatatcaatgataatggtacaatcactacaagtaactca  ctggatcgtgaaatcagtgcttgggtacaacctaagtattacagccacagaaaaatacaata  tagaacagatctcttcgatcccactgtatgtgcaagttcttaacatcaatgatcatgctcc  tgagttctctcaatactatgagacttatgthttgtgaaaatgcaggctctggtcaggtaatt  cagactatcagtgagtgatagagatgaatccatagaagagcaccatttttactttaatc  tatctgtagaagacactaacaattcaagttttacaatcatagataatcaagataacacagc  tgtcattttgactaatagaactggthtttaacctcaagaagaacctgtcttctacatctcc  atcttaattgccgacaatggaatcccgtcacttacaagtacaaacacccttaccatccatg  tctgtgactgtggtgacagtgaggagcacacagacctgccagtaccaggagcttgtgctttc  catgggattcaagacagaa</p>
950	укороченная мембрано- связанная форма кадгерина-19 человека (амино- кислоты 1-624)	Человек	aa	<p>MNCYLLLRFMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVKQPVRSHLRVKGWVWNQFFVPEEMNTTSH  HIGQLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIQKLDREERSLYILRAQVIDI  ATGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPKFLDEPYEAI VPEMSPEGLTVIQVTASDADDPSSGNN  ARLLYSL LQGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQDEYWV I IQAKDMIGQPGALSGTTSVLI  KLSDVNDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGTIMAYDNDIGENAEMDYSIEEDDSQTFDI  ITNHETQEGIVILKKKVD FEHQNHYGIRAKVKNNH VPEQLMKYHTEASTTFIKIQVEDVDE  PPLFLLPYVFEVFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRSKVFNINDNGTITTSNS  LDREISAWYNLSITATEKYNIEQISSIPLYVQVLNINDHAPEFSQYYETYVCENAGSGQVI  QTISAVDRDESIEEHFYFNLSVEDTNSSFTIIDNQDNTAVILTNRTGFNLQEEPVFYIS  ILIADNGIPSLTSTNTLTIHVCDGDSGSTQTCQYQELVLSMGFKTEV I IAILICIMIIFG  FI FLTLGLKQRRKQ</p>

951	укороченная мембраносвязанная форма кадгерина-19 человека (аминокислоты 1-624)	Человек	nt	atgaactggtatctactgctgctgctgtttatggtgggaattcctctcctatggccttgtcttg gagcaacagaaaactctcaaacaaagaaagtcaagcagccagtgcgatctcatttgagagt gaagcgtggctgggtgtggaaccaattttttgtaccagaggaaatgaatacgactagtcac cacatcggccagcctaagatctgatttagacaatggaaacaattctttccagtacaagcttt tgggagctggagctggaagtacttttatcattgatgaaagaacaggtgacatatatgccat acagaagcttgatagagaggagcgcgatccctctacatcttaagagcccaggtaatagacatc gctactggaagggctgtggaacctgagctctgagtttgatcaaaagtttcggatatcaatg acaatgaaccaaaattcctagatgaaccttatgaggccattgtaccagagatgtctccaga aggaacattagttatccagggtgacagcaagtgatgctgacgatccctcaagtggtaataat gctcgtctcctctacagcttacttcaaggccagccatatttttctggtgaaccaacaacag gagtcataagaatatcttctaaaatggatagagaactgcaagatgagattgggtaatcat tcaagccaaggacatgattgggtcagccaggagcgttgctctggaacaacaagtgtattaatt aaactttcagatgttaatgacaataagcctataatttaaagaaagtttataccgcttgactg tctctgaatctgcacccactgggacttctataggaacaatcatggcatatgataatgacat aggagagaatgcagaaatggattacagcattgaagaggatgattcgcaaacatttgacatt attactaatcatgaaactcaagaaggaatagttatattaaaaaagaaagtggttttgagc accagaaccactacggtattagagcaaaagttaaaaaccatcatggtcctgagcagctcat gaagtaccacactgaggcttcaccactttcattaagatccagggtggaagatggtgatgag cctcctcttttcctccttccatattatgtatttgaagtttttgaagaaaccccacagggat catttgtaggcgtgggtgtctgccacagaccagacaataggaaatctcctatcaggtattc tattactaggagcaaagtggtcaatatcaatgataatggtacaatcactacaagtaactca ctggatcgtgaaatcagtgcttggtacaacctaaagtattacagccacagaaaaatacaata tagaacagatctcttcgatcccactgtatgtgcaagttcttaacatcaatgatcatgctcc
-----	--	---------	----	--

				<p>tgagttctctcaataactatgagacttatgtttgtgaaaatgcaggctctggtcaggtaatt  cagactatcagtgacagtgatagagatgaatccatagaagagcaccatttttactttaatc  tatctgtagaagacactaacaattcaagttttacaatcatagataatcaagataacacagc  tgtcattttgactaatagaactggttttaaccttcaagaagaacctgtcttctacatctcc  atcttaattgccgacaatggaatcccgtcacttacaagtacaaacacccttaccatccatg  tctgtgactgtggtgacagtgaggagcacacagacctgccagtaccaggagcttgtgctttc  catgggattcaagacagaagtcattgctattctcatttgcattatgatcatatttggg  tttatttttttgactttgggtttaaaacaacggagaaaacag</p>
952	<p>C137897  huCDH19  (44-141)  muCDH19  (140-770)</p>	<p>искусст-  венная</p>	aa	<p>GWVWNQFFVPEEMNTTSHHIGQLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIQK  LDREERSLYILRAQVIDIATGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPRFLDEPYEAIVPEMSPEGT  FVIKVTANDADDPSTGYHARILYNLERGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQD TYCVIIQA  KMLGQPGALSGTTTVS IKLSDINDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGE  NAEMEYSIEDDDSKI FDI I IDNDTQEGIVILKKKVD FEQQSYYGIRAKVKNCHVDEELAPA  HVNASTTYIKVQVEDEDEPPVFLLPYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYYL  TSKMF DINDNGT I I TTNMLDREVS AWYNLTVTATETYNVQQI ISSAHVYVQVFNINDNAPEF  SQFYETYVCENAESGEIVQI I SAIDRDESIEDHHFYFNHSL EDTNNS SFMLTDN QDNTAVI  LSNRTGFNLKEEPVFYMI I LIADNGI PSLTSTNTLT I QVDCGDSRNTETCANKGLL FIMG  FRTEAI IAIMICVMVIFGFFLILALKQRRKETLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEA  FDIVELRQSTVMRERKPQRSKSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPP  FDSLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYLN DLGPRFKRLASMF GSAVQPNN</p>
953	<p>C137897  huCDH19  (44-141)</p>	<p>искусст-  венная</p>	nt	<p>ggctgggtgtggaaccaatttttgtaccagaggaaatgaatacgactagtcacatcgcg  gccagctaagatctgatttagacaatggaacaattctttccagtacaagcttttgggagc  tgagctggaagtacttttatcattgatgaaagaacaggtgacatatatgccatacagaag</p>

	muCDH19 (140-770)		cttgatagagaggagcgcgatccctctacatcttaagagcccaggtaatagacatcgctactg gaagggctgtggaacctgagtctgagtttgtcatcaaagtttcggatatcaatgacaatga accagattcctagatgaaccatatgaggccattgtacctgagatgtctccagaaggaaca tttgtcatcaagggtgacagccaatgacgcagatgatccttcaactggctatcatgctcgca tcctatacaacttagaacgagggtcaaccatacttttctggttgagccaacaacaggagtc aaggatatcttctaagatggatagagagttgcaagatacactgtgtaattattcaagcc aaggacatgctcggtcagcctggagccttgtctggaacaacaaccgatcaattaagctgt cagatattaatgacaacaagccaatattcaaagaaagtttctaccgcttactatatctga atctgcaccattggaacatcaatagggaaaattatggcatatgatgatgacataggggag aatgcagagatggagtacagcattgaagatgatgattcaaaaatatttgacataatcattg acaatgacaccaagaagggatagttataacttaaaaagaaagttgatthttgagcagcagag ctattatggcattagagctaagggttaaaaactgccatgtggatgaagagcttgccactgcc catgttaacgcttccacaacctacattaagttcaagtagaagatgaagatgaacctcctg ttttcctcttaccatattacatacttgaaattcctgaaggaaaaccatatggaacaattgt ggggacggtttctgccacagaccagatcgaagacaatctcctatgagatattatctcact ggaagcaaaatgthttgatatcaatgacaatggaacaataatcaccactaacatgcttgaca gagaggtcagtgcttggtacaacttgactgtcacagctactgaaacatacaatgtacaaca gatctcttcagccatgthttatgtacaagtctthtaacattaacgacaatgctccagagttc tctcaattctatgagacttatgthttgtgaaaatgctgaatctggtgagatagttcagatca tcagtgcaattgatagagatgagtcataagaagatcaccatthttactthtaactctct ggaagacacaacaactcaagthttatgctaacagacaatcaagataacacagctgtaatt ctgagtaatagaactggthttcaatcttaagaagagcctgtcttctacatgatcatcttga ttgctgataacgggatcccatctctcacaagcacaacaactctcactatccaagtctgtga
--	----------------------	--	--



				<p>ctgtggagacagtagaaacacagaaacttgtgctaacaagggacttctctttatcatggga  ttcagaacagaggcaataattgccatcatgatatgtgttatggtaatatattgggtttttct  ttttgattcttgctctgaaacagcgaagaaggagactctatccagagaagactgaaga  ctttagggagaatataatcttgctatgatgatgaaggcgccggggaagaagactcggagcc  tttgacatcgtagagctgagacaaagtacagtaatgagagaaagaagcctcagagaagca  agagtgcggagatcaggagcttgtagaggcagtcctcgcaggtgggcccagacagtgccat  atctcgaaaatttatcctagagaagcttgaagaagccaacacagacccatgtgctcccccc  tttgattcactacagacgtttgctatgagggaacaggggtcatcagctggctctctgagct  ccttggcatccagagacactgatcaggaggatgacttcgactacctaatgacctgggacc  tcgttttaaaagattagcaagcatgtttgctctgcagtacaaccaacaattag</p>
954	<p>C137896  huCDH19  (44-249)  muCDH19  (248-770)</p>	<p>искусст-  венная</p>	aa	<p>GWVWNQFFVPEEMNTTSHHIGQLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIQK  LDREERSLYILRAQVIDIATGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPKFLDEPYEAIVPEMSPEGT  LVIQVTASDADDPSSGNNARLLYSLLQGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQDEYWVI IQA  KDMIGQPGALSGTTSVLIKLSVDNDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGE  NAEMEYSIEDDDSKIFDIIDNDTQEGIVILKKKVD FEQQSYYGIRAKVKNCHVDEELAPA  HVNASTTYIKVQVEDEDEPPVFLLPYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYYL  GSKMFDINDNGTIITTNMLDREVS AWYNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDNAPEF  SQFYETYVCENAESGEIVQII SAIDRDESIEDHHFYFNHSL EDTNNS SFMLTDNQDNTAVI  LSNRTGFNLKEEPVFYMI ILIADNGIPSLTSTNTLT IQVCDGDSRNTETCANKGLLFIMG  FRTEAIIAIMICVMVIFGFFLILALKQRRKETLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEA  FDIVELRQSTVMRERKPKQRKSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPP  FDSLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRD TDQEDDFDYLNDLGPFRFKRLASMFSAVQPNN</p>

955	C137896 huCDH19 (44-249) muCDH19 (248-770)	искусст- венная	nt	ggctgggtgtggaaccaatTTTTTgtaccagaggaaatgaatacgactagtcatcacatcg gccagctaagatctgatttagacaatggaacaattctttccagtacaagcttttgggagc tggagctggaagtacttttatcattgatgaaagaacaggtgacatatatgccatacagaag cttgatagagaggagcgcgatccctctacatcttaagagcccaggtaatagacatcgctactg gaagggctgtggaacctgagtctgagtttgtcatcaaagtttcggatatcaatgacaatga accaaattcctagatgaaccttatgaggccattgtaccagagatgtctccagaaggaaca ttagttatccagggtgacagcaagtgatgctgacgatccctcaagtggtaataatgctcgtc tcctctacagcttacttcaaggccagccatatttttctgttgaaccaacaacaggagtc aagaatatcttctaaaatggatagagaactgcaagatgagtattgggtaatcattcaagcc aaggacatgattggtcagccaggagcgttgtctggaacaacaagtgtattaattaaacttt cagatgttaatgacaacaagccaatattcaaagaaagtttctaccgcttactatatctga atctgcaccattggaacatcaatagggaaaattatggcatatgatgatgacataggggag aatgcagagatggagtacagcattgaagatgatgattcaaaaatatttgacataatcattg acaatgacaccaagaagggatagttatacttaaaaagaaagttgattttgagcagcagag ctattatggcattagagctaagggttaaaaactgccatgtggatgaagagcttgcacctgcc catgttaacgcttccacaacctacattaagttcaagtagaagatgaagatgaacctcctg ttttcctcttaccatattacatacttgaaattcctgaaggaaaaccatatggaacaattgt ggggacggtttctgccacagaccagatcgaagacaatctcctatgagatattatctcact ggaagcaaatgtttgatatcaatgacaatggaacaataatcaccactaacatgcttgaca gagaggtcagtgcttggtacaacttgactgtcacagctactgaaacatacaatgtacaaca gatctcttcagccatgtttatgtacaagtctttaacattaacgacaatgctccagagttc tctcaattctatgagacttatgtttgtgaaaatgctgaatctggtgagatagttcagatca tcagtgcaattgatagagatgagtcctatagaagatcaccatttttactttaatcactctct
-----	--	--------------------	----	---

				<p>ggaagacacaacaactcaagttttatgctaacagacaatcaagataaacacagctgtaatt  ctgagtaatagaactggtttcaatcttaaagaagagcctgtcttctacatgatcatcttga  ttgctgataacgggatcccatctctcacaagcacaacactctcactatccaagtctgtga  ctgtggagacagtagaaacacagaaacttgtgctaacaagggacttctctttatcatggga  ttcagaacagaggcaataattgccatcatgatatgtgttatggtaatatattgggtttttct  ttttgattcttgctctgaaacagcgaagaaaggagactctatccagagaagactgaaga  ctttagggagaatataatgctatgatgatgaaggcggcggggaagaagactcggagcc  tttgacatcgtagagctgagacaaagtacagtaatgagagaaagaaagcctcagagaagca  agagtgcggagatcaggagcttgtaacaggcagtcctgcagggtgggccagacagtgccat  atctcgaaaatttatcctagagaagcttgaagaagccaacacagaccatgtgctcccccc  tttgattcactacagacgtttgctatgagggaacaggggtcatcagctggctctctgagct  ccttggcatccagagacactgatcaggaggatgacttcgactacctaatgacctgggacc  tcgttttaaaagattagcaagcatgtttgctctgcagtacaaccaacaattag</p>
956	<p>C137913  muCDH19  (44-139)  huCDH19  (142-249)  muCDH19  (248-770)</p>	искусст- венная	aa	<p>AWVWRPFVLEEMDDIQCVGKLRSDLNNGNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLD  REEKSLYILRAQVIDTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPKFLDEPYEAIVPMSPEGTLV  IQVTASDADDPSSGNNARLLYSLLQGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDEYWVIIQAKD  MIGQPGALSGTTSVLIKLSDVNDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGENA  EMEYSIEDDDSKIIDIIDNDTQEGIVILKKKVDFEQQSYGIRAKVKNCHVDEELAPAHV  NASTTYIKVQVEDEDEPPVFLPYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYLTS  KMF DINDNGTIIITNMLDREVS AWYNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDNAPEFSQ  FYETYVCENAESGEIVQIISAIDRDESIEDHHFYFNHSLDTNNSFMLTDNQDNTAVILS  NRTGFNLKEEPVFYMIIL IADNGIPSLTSTNTLTIQVDCGDSRNTETCANKGLLFIMGFR  TEAIIAIMICVMVIFGFFFLILALKQRRKETLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFD</p>

				IVELRQSTVMRERKPKQRSKSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFD SLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYLNDLGPRFKRLASMFSGSAVQPNN
957	C137913 muCDH19 (44-139) huCDH19 (142-249) muCDH19 (248-770)	искусст- венная	nt	gcctgggtgtggagaccatttgttgttctagaagaaatggatgatatacaatgtggttgaa agctaagatctgacttagacaatggaaacaactctttccagtacaagctactggggattgg cgctggaagcttttagcattaatgaaagaacaggtgaaatatgtgccatacagaagcttgat agagaggaaaaatccctctacattctgagagcccaggtaatagacaccactattgggaagg ctgtggaaactgaatccgagtttgtcatcagagttttggatatcaatgacaatgaaccaa attcctagatgaaccttatgaggccattgtaccagagatgtctccagaaggaacattagtt atccaggtgacagcaagtgatgctgacgatccctcaagtggtaataatgctcgtctcctct acagcttacttcaaggccagccatatttttctggtgaaccaacaacaggagtcataagaat atcttctaaaatggatagagaactgcaagatgagtattgggtaatcattcaagccaaggac atgattggtcagccaggagcgttgtctggaacaacaagtgtattaattaaactttcagatg ttaatgacaacaagccaatattcaaagaagtttctaccgcttcactatatctgaatctgc accattggaacatcaatagggaaaattatggcatatgatgatgacataggggagaatgca gagatggagtacagcattgaagatgatgattcaaaaatatttgacataatcattgacaatg acaccaagaagggatagttatacttaaaaagaaagttgattttgagcagcagagctatta tggcattagagctaaggttaaaaactgccatgtggatgaagagcttgcacctgccatggt aacgcttcacaacctacattaaagttcaagtagaagatgaagatgaacctcctgttttcc tcttaccatattacatacttgaaattcctgaaggaaaaccatatggaacaattgtggggac ggtttctgccacagaccagatcgaagacaatctcctatgagatattatctcactggaagc aaaatgtttgatatcaatgacaatggaacaataatcaccactaacatgcttgacagagagg tcagtgcttgggtacaacttgactgtcacagctactgaaacatacaatgtacaacagatctc ttcagcccatgtttatgtacaagtctttaacattaacgacaatgctccagagttctctcaa

			<p>ttctatgagacttatgtttgtgaaaatgctgaatctggtgagatagttcagatcatcagtg caattgatagagatgagtgccatagaagatcaccatTTTTactTTaatcactctctggaaga cacaacaactcaagTTTTatgctaacagacaatcaagataacacagctgtaattctgagt aatagaactggTTTTcaatcttaaagaagagcctgtcttctacatgatcatcttgattgctg ataacgggatcccatctctcacaagcacaacactctcactatccaagtctgtgactgtgg agacagtagaaacacagaaacttgTGctaacaagggacttctctttatcatgggattcaga acagaggcaataattGCCatcatgatatgtgTtatggtaatatttgggTTTTctTTTTga ttcttgctctgaaacagcgaagaaaggagactctatttccagagaagactgaagactttag ggagaatatatttTGctatgatgatgaaggcggcggggaagaagactcGgaagcctttgac atcgtagagctgagacaaagtacagtaatgagagaaagaaagcctcagagaagcaagagtG cggagatcaggagcttgTtacaggcagtccttgcaggtgggcccagacagtgccatatttGc aaaatttatcctagagaagcttgaagaagccaacacagaccatgtgctccccctttgat tcactacagacgTTTgcctatgagggaaacagggtcatcagctggctctctgagctccttgg catccagagacactgatcaggaggatgacttcgactaccttaatgacctgggacctcgTTT taaaagattagcaagcatgTTTggctctgcagtagacaaccaacaattag</p>
--	--	--	--

958	C137847 muCDH19 (44-139) huCDH19 (142-364) muCDH19 (363-770)	искусст- венная	aa	AWVWRPFVLEEMDDIQCVGKLRSDLNNGNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLD REEKSLYLRAQVIDTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPKFLDEPYEAIVPMSPEGLV IQVTASDADDPSSGNNARLLYSLLQGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDEYWVI IQAKD MIGQPGALSGETTSLIKLSDVNDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGTIMAYDNDIGENA EMDYSIEEDDSQTFDIITNHETQEGIVILKKKVD FEHQNHYGIRAKVKNHHVPEQLMKYHT EASTTFIKIQVEDVDEPPVFLLPYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYLLTGS KMF DINDNGTIIITNMLDREVS AWYNLTVTATETYNVQQI SSAHVYVQVFNINDNAPEFSQ FYETYVCENAESGEIVQII SAIDRDESIEDHHFYFNHSL EDTNNS SFMLTDN QDNTAVILS NRTGFNLKEEPV FYMI ILIADNGIPSLTSTNTLT IQVCD CGDSRNTETCANKGLLFIMGFR TEAIIAIMICVMVIFGFFFLILALKQRRKETLFPKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFD IVELRQSTVMRERKPQRSKSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFD SLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYLN DLGPRFKRLASMFSAVQPNN
959	C137847 muCDH19 (44-139) huCDH19 (142-364) muCDH19 (363-770)	искусст- венная	nt	gcctgggtgtggagaccatttgttgttctagaagaaatggatgatatacaatgtgttgaa agctaagatctgacttagacaatggaacaactctttccagtacaagctactggggattgg cgctggaagcttttagcattaatgaaagaacaggtgaaatgtgcccatacagaagcttgat agagaggaaaaatccctctacattctgagagcccaggtaatagacaccactattgggaagg ctgtggaactgaatccgagtttgtcatcagagttttggatatcaatgacaatgaacaaa attcctagatgaaccttatgaggccattgtaccagagatgtctccagaaggaacattagtt atccaggtgacagcaagtgatgctgacgatccctcaagtggtaataatgctcgtctcctct acagcttacttcaaggccagccatatttttctggtgaccaacaacaggagtcataagaat atcttctaaaatggatagagaactgcaagatgagtattgggtaatcattcaagccaaggac atgattggtcagccaggagcgttgtctggaacaacaagtgtattaattaactttcagatg ttaatgacaataagcctatatttaagaaagtttataaccgcttgactgtctctgaatctgc

			<p>accactgggacttctataggaacaatcatggcatatgataatgacataggagagaatgca gaaatggattacagcattgaagaggatgattcgcaaacatttgacattattactaatcatg aaactcaagaaggaatagttatattaaaaaagaaagtggattttgagcaccagaaccacta cggatttagagcaaaagttaaaaaccatcatggttctgagcagctcatgaagtaccacact gaggcttccaccactttcattaagatccaggtggaagatgttgatgaacctcctgttttcc tcttaccatattacatacttgaaattcctgaaggaaaaccatattggaacaattgtggggac ggtttctgccacagaccagatcgaagacaatctcctatgagatattatctcactggaagc aaaatgtttgatatcaatgacaatggaacaataatcaccactaacatgcttgacagagagg tcagtgcttgggtacaacttgactgtcacagctactgaaacatacaatgtacaacagatctc ttcagcccatgtttatgtacaagtctttaacattaacgacaatgctccagagttctctcaa ttctatgagacttatgtttgtgaaaatgctgaatctgggtgagatagttcagatcatcagtg caattgatagagatgagtccatagaagatcaccatthttactttaatcactctctggaaga cacaacaactcaagttttatgctaacagacaatcaagataacacagctgtaattctgagt aatagaactggtttcaatcttaaagaagagcctgtcttctacatgatcatcttgattgctg ataacgggatcccctctctcacaagcacaacactctcactatccaagtctgtgactgtgg agacagtagaaaacacagaaacttgtgctaacaagggacttctctttatcatgggattcaga acagaggcaataattgccatcatgatatgtgttatggtaatatttgggtttttctttttga ttcttgctctgaaacagcgaagaaaggagactctatthccagagaagactgaagacttttag ggagaatatattttgctatgatgatgaaggcggcggggaagaagactcgggaagcctttgac atcgtagagctgagacaaagtacagtaatgagagaaagaaagcctcagagaagcaagagtg cggagatcaggagcttgtagaggcagtccttgcaggtgggcccagacagtgccatatttcg aaaatttatcctagagaagcttgaagaagccaacacagacccatgtgctccccctttgat tcactacagacgtttgcctatgagggaaacagggatcatcagctggctctctgagctccttgg</p>
--	--	--	---

				catccagagacactgatcaggaggatgacttcgactaccttaatgacctgggacctcgttt taaaagattagcaagcatgtttggtctctgcagtacaaccaacaattag
960	C137911 muCDH19 (44-247) huCDH19 (250-364) muCDH19 (363-770)	искусст- венная	aa	AWVWRPFVLEEMDDIQCVGKLRSDLNNGNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLD REEKSLYLRAQVIDTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPRFLDEPYEAIVPEMSPEGTFV IKVTANDADDPSTGYHARILYNLERGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDTYCVIIQAKD MLGQPGALSGTTTTVSIKLSDINDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGTIMAYDNDIGENA EMDYSIEEDDSQTFDIITNHETQEGIVILKKKVDFEHQNHYGIRAKVKNHHVPEQLMKYHT EASTTFIKIQVEDVDEPPVFLLPYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYLLTGS KMF DINDNGTIIITNMLDREVS AWYNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDNAPEFSQ FYETYVCENAESGEIVQII SAIDRDESIEDHHFYFNHSL EDTNNS SFMLTDNQDNTAVILS NRTGFNLKEEPVFYMIIL IADNGIPSLTSTNTLTIQVDCGDSRNTETCANKGLLFIMGFR TEAIIAIMICVMVIFGFFFLILALKQRRKETLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFD IVELRQSTVMRERKPQRSKSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFD SLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYLNLDLGPFRKRLASMFSGSAVQPNN
961	C137911 muCDH19 (44-247) huCDH19 (250-364) muCDH19 (363-770)	искусст- венная	nt	gcctgggtgtggagaccatttggtggttctagaagaaatggatgatatacaatgtggttgaa agctaagatctgacttagacaatggaaacaactctttccagtacaagctactggggattgg cgctggaagcttttagcattaatgaaagaacaggtgaaatatgtgccatacagaagcttgat agagaggaaaaatccctctacattctgagagcccaggtaatagacaccactattgggaagg ctgtggaactgaatccgagtttgatcatcagagttttggatatcaatgacaatgaaccag attcctagatgaaccatatgaggccattgtacctgagatgtctccagaaggaacatttgct atcaaggtgacagccaatgacgcagatgatccttcaactggctatcatgctcgcacatcctat acaacttagaacgaggtcaaccatacttttctggtgagccaacaacaggagtcataaggat atcttctaagatggatagagagttgcaagatacactgtgtaattattcaagccaaggac



			<p>atgctcggtcagcctggagccttgtctggaacaacaaccgtatcaattaagctgtcagata ttaatgacaataagcctatattttaagaaagtttataaccgcttgactgtctctgaatctgc accactgggacttctataggaacaatcatggcatatgataatgacataggagagaatgca gaaatggattacagcattgaagaggatgattcgcaaacatttgacattattactaatcatg aaactcaagaaggaatagttatattaaaaaagaaagtgattttgagcaccagaaccacta cggatttagagcaaaagttaaaaaccatcatgttctgagcagctcatgaagtaccacact gaggcttccaccactttcattaagatccagggtggaagatgttgatgaacctcctgttttcc tcttaccatattacatacttgaaattcctgaaggaaaaccatatggaacaattgtggggac ggtttctgccacagaccagatcgaagacaatctcctatgagatattatctcactggaagc aaaatgtttgatatcaatgacaatggaacaataatcaccactaacatgcttgacagagagg tcagtgcttgggtacaacttgactgtcacagctactgaaacatacaatgtacaacagatctc ttcagcccatgtttatgtacaagtctttaacattaacgacaatgctccagagttctctcaa ttctatgagacttatgtttgtgaaaatgctgaatctggtgagatagttcagatcatcagtg caattgatagagatgagtccatagaagatcaccatttttactttaatcactctctggaaga cacaacaactcaagttttatgctaacagacaatcaagataacacagctgtaattctgagt aatagaactggtttcaatcttaaagaagagcctgtcttctacatgatcatcttgattgctg ataacgggatcccatctctcacaagcacaacactctcactatccaagtctgtgactgtgg agacagtagaacacagaaacttgtgctaacaagggacttctctttatcatgggattcaga acagaggcaataattgccatcatgatatgtgttatggtaaatatttggggttttctttttga ttcttgctctgaaacagcgaagaaaggagactctatttccagagaagactgaagactttag ggagaatatattttgctatgatgatgaaggcggcggggaagaagactcgggaagcctttgac atcgtagagctgagacaaagtacagtaatgagagaaagaaagcctcagagaagcaagagtg cggagatcaggagcttgtacaggcagtccttgcaggtgggcccagacagtgccatatttcg</p>
--	--	--	--

				<p>aaaatztatcctagagaagcttgaagaagccaacacagacccatgtgctccccctttgat  tcactacagacgtttgcctatgagggaacagggatcatcagctggctctctgagctccttgg  catccagagacactgatcaggaggatgacttcgactaccttaatgacctgggacctcgttt  taaaagattagcaagcatgtttggctctgcagtacaaccaacaattag</p>
962	<p>C137917  muCDH19  (44-362)  huCDH19  (365-772)</p>	искусст- венная	aa	<p>AWVWRPFVLEEMDDIQCVGKLRSDLNNGNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLD  REEKSLYLRAQVIDTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPRFLDEPYEAIVPMSPEGTFV  IKVTANDADDPSTGYHARILYNLERGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDTCVVIQAKD  MLGQPGALSGTTTTSIKLSNDINDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGENA  EMEYSIEDDDSKIIFDIIIDNDTQEGIVILKKKVDFEQQSYYGIRAKVKNCHVDEELAPAHV  NASTTYIKVQVEDEDEPPLFLLPYVFEVFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRS  KVFNINDNGTITTSNSLDREISAWYNLSITATEKYNIEQISSIPLYVQVLNINDHAPEFSQ  YYETYVCENAGSGQVIQTISAVDRDESIEEHFYFNLSVEDTNSSFTIIDNQDNTAVILT  NRTGFNLQEEPVFYISILIIDNGIPSLTSTNTLTIHVCDGDSGSTQTCQYQELVLSMGFK  TEVIIAILICIMIIFGFIFLTLGLKQRRKQILFPEKSEDFRENIHQYDDEGGGEEDTEAFD  IAELRSSTIMRERKTRKTTSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFD  SLQTYAFEGTGLAGSLSSLESVSDQDESVDYLNELGPRFKRLACMFGSAVQSNN</p>
963	<p>C137917  muCDH19  (44-362)  huCDH19  (365-772)</p>	искусст- венная	nt	<p>gcctgggtgtggagaccatttgttgttctagaagaaatggatgatatacaatgtggttgaa  agctaagatctgacttagacaatggaaacaactctttccagtacaagctactggggattgg  cgctggaagcttttagcattaatgaaagaacaggtgaaatgtgcccatacagaagcttgat  agagaggaaaaatccctctacattctgagagcccaggtaatagacaccactattgggaagg  ctgtggaaactgaatccgagtttgtcatcagagttttggatatcaatgacaatgaaccag  attcctagatgaaccatatgaggccattgtacctgagatgtctccagaaggaaacatttgtc  atcaaggtgacagccaatgacgcagatgatccttcaactggctatcatgctcgcatcctat</p>

			<p>acaacttagaacgaggtcaaccatacttttctggtgagccaacaacaggagtcataaggat atcttctaagatggatagagagttgcaagatacatactgtgtaattattcaagccaaggac atgctcggtcagcctggagccttgtctggaacaacaaccgtatcaattaagctgtcagata ttaatgacaacaagccaatattcaaagaaagtttctaccgcttcactatactgaatctgc accattggaacatcaatagggaaaattatggcatatgatgatgacataggggagaatgca gagatggagtacagcattgaagatgatgattcaaaaatatttgacataatcattgacaatg acaccaagaaggatagttatacttaaaaagaaagttgattttgagcagcagagctatta tggcattagagctaaggttaaaaactgccatgtggatgaagagcttgacactgccatggt aacgcttcacaacctacattaaagttcaagtagaagatgaagatgagcctcctcttttcc tccttccatattatgtatttgaagtttttgaagaaaccccacagggatcatttgtaggcgt ggtgtctgccacagaccagacaataggaaatctcctatcaggtatttctactaggagc aaagtgttcaatatcaatgataatggtacaatcactacaagtaactcactggatcgtgaaa tcagtgcttggtaaacctaagtattacagccacagaaaaatacaatatagaacagatctc ttcgatcccactgtatgtgcaagttcttaacatcaatgatcatgctcctgagttctctcaa tactatgagacttatgtttgtgaaaatgcaggctctggtcaggtaattcagactatcagtg cagtgatagagatgaatccatagaagagcaccatctttactttaatctatctgtagaaga cactaacaattcaagttttacaatcatagataatcaagataacacagctgtcattttgact aatagaactggttttaaccttcaagaagaacctgtcttctacatctccatcttaattgccg acaatggaatcccgtcacttacaagtacaaacacccttaccatccatgtctgtgactgtgg tgacagtgggagcacacagacctgccagtaccaggagcttgtgctttccatgggattcaag acagaagtcatcattgctatttctcatttgcattatgatcatatttgggtttatTTTTTTga ctttgggtttaaaacaacggagaaaacagatttctatttcttgagaaaagtgaagatttcag agagaatatattccaatatgatgatgaaggggggtggagaagaagatacagaggcctttgat</p>
--	--	--	--

				<p>atagcagagctgaggagtagtaccataatgCGGGAACGCAAGACTCGGAAAACCACAAGCG  ctgagatcaggagcctatacaggcagtccttgcaagttggccccgacagtgccatattcag  gaaattcattctggaaaagctcgaagaagctaatactgatccgtgtgccctcctttgat  tcctccagacctacgcttttgaggaacagggtcattagctggatccctgagctccttag  aatcagcagtcctctgatcaggatgaaagctatgattaccttaatgagttgggacctcgctt  taaaagattagcatgcatgtttggttctgcagtgagtcagtcgcaataattag</p>
964	<p>C137915  muCDH19  (44-461)  huCDH19  (464-772)</p>	искусст- венная	aa	<p>AWVWRPFVLEEMDDIQCVGKLRSDLNNGNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLD  REEKSLYILRAQVIDTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPRFLDEPYEAIVPEMSPEGTFV  IKVTANDADDPSTGYHARILYNLERGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDTCVIIQAKD  MLGQPGALS GTTTVSIKLS DINDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGENA  EMEYSIEDDDSKI FDI I IDNDTQEGIVILKKKVDFEQSYGIRAKVKNCHVDEELAPAHV  NASTTYIKVQVEDEDEPPVFLLPYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYL TGS  KMF DINDNGT I I TTNMLDREVS AWYNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDHAPEFSQ  YYETYVCENAGSGQVIQ TISAVDRDESIEEHFFYFNLSVEDTNSSFT I IDNQDNTAVILT  NRTGFNLQEEPVFYISIL IADNGIPSLTSTNTLTIHVCDGDSGSTQTCQYQELVLSMGFK  TEV I IAILICIMI I FGFI FLTLGLKQRRKQILFPEKSEDFRENI FQYDDEGGGEEDTEAFD  IAELRSSTIMRERKTRKTTSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKF ILEKLEEANTDPCAPPFD  SLQTYAFEGTGLAGSLSSLES AVSDQDES YDYLNELGPRFKRLACMFGSAVQSN</p>
965	<p>C137915  muCDH19  (44-461)  huCDH19  (464-772)</p>	искусст- венная	nt	<p>gcctgggtgtggagaccatttgttgttctagaagaaatggatgatatacaatgtgttgaa  agctaagatctgacttagacaatggaaacaactctttccagtacaagctactggggattgg  cgctggaagcttttagcattaatgaaagaacaggtgaaatatgtgccatacagaagcttgat  agagaggaaaaatccctctacattctgagagcccaggtaatagacaccactattgggaagg  ctgtggaaactgaatccgagtttgtcatcagagttttggatatcaatgacaatgaaccag</p>

				<p>attcctagatgaaccatatgaggccattgtacctgagatgtctccagaaggaacatttgtc atcaaggtgacagccaatgacgcagatgatccttcaactggctatcatgctcgcacccat acaacttagaacgaggtcaaccatacttttctgttgagccaacaacaggagtcataaggat atcttctaagatggatagagagttgcaagatacatactgtgtaattattcaagccaaggac atgctcggtcagcctggagccttgtctggaacaacaaccgtatcaattaagctgtcagata ttaatgacaacaagccaatattcaaagaaagtttctaccgcttcactatatctgaatctgc accatttgaacatcaatagggaaaattatggcatatgatgatgacataggggagaatgca gagatggagtagacagcattgaagatgatgattcaaaaatatttgacataatcattgacaatg acaccaagaagggatagttatacttaaaaagaaagttgattttgagcagcagagctatta tggcattagagctaagggttaaaaactgccatgtggatgaagagcttgcacctgccatggt aacgcttcacaacctacattaaagttcaagtagaagatgaagatgaacctcctgttttcc tcttaccatattacatacttgaaattcctgaaggaaaaccatatggaacaattgtggggac ggtttctgccacagaccagatcgaagacaatctcctatgagatattatctcactggaagc aaaatgtttgatatcaatgacaatggaacaataatcaccactaacatgcttgacagagagg tcagtgcttggtagaacttgactgtcacagctactgaaacatacaatgtacaacagatctc ttcagcccatgtttatgtacaagtctttaacattaatgatcatgctcctgagttctctcaa tactatgagacttatgtttgtgaaaatgcaggctctggtcaggtaattcagactatcagtg cagtgatagagatgaatccatagaagagcaccatttttactttaatctatctgtagaaga cactaacaattcaagttttacaatcatagataatcaagataacacagctgtcattttgact aatagaactggttttaaccttcaagaagaacctgtcttctacatctccatcttaattgccg acaatggaatcccgtcacttacaagtacaaacaccttaccatccatgtctgtgactgtgg tgacagtgggagcacacagacctgccagtaccaggagcttgtgctttccatgggattcaag acagaagtcacattgctattctcatttgcattatgatcatatttggggttatttttttga</p>
--	--	--	--	--

				<p>ctttgggtttaaaacaacggagaaaacagattctatttcctgagaaaagtgaagatttcag  agagaatatattccaatatgatgatgaaggggtggagaagaagatacagaggcctttgat  atagcagagctgaggagtagtaccataatgcggggaacgcaagactcggaaaaccacaagcg  ctgagatcaggagcctatacaggcagtcctttgcaagttggccccgacagtgccatattcag  gaaattcattctggaaaagctcgaagaagctaatactgatccgtgtgccctccttttgat  tcctccagacctacgcttttgagggaaacagggtcattagctggatccctgagctccttag  aatcagcagtcctctgatcaggatgaaagctatgattaccttaatgagttgggacctcgctt  taaaagattagcatgcatggtttggttctgcagtgccagtcgaataattag</p>
966	C71144 muCDH19 (44-770)	искусст- венная	aa	<p>AWVWRPFVLEEMDDIQCVGKLRSDDLNGNNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLD  REEKSLYILRAQVIDTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPRFLDEPYEAIIVPEMSPEGTFV  IKVTANDADDPSTGYHARILYNLERGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDTYCVIIQAKD  MLGQPGALSGTTTIVSIKLSDINDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGENA  EMEYSIEDDDSKI FDI I IDNDTQEGIVILKKKVD FEQQSYGIRAKVKNCHVDEELAPAHV  NASTTYIKVQVEDEDEPPVFLLPYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYLTS  KMF DINDNGT I I TTNMLDREVSAWYNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDNAPEFSQ  FYETYVCENAESGEIVQIISAIDRDESIEDHHFYFNHSL EDTNNS SFMLTDNQDNTAVILS  NRTGFNLKEEPVFYMI ILIADNGIPSLTSTNTLTIQVDCGDSRNTETCANKGLLFIMGFR  TEAIIAIMICVMVIFGFFFLILALKQRRKETLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFD  IVELRQSTVMRERKPQRSKSAEIRSLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFD  SLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYLNDLGPRFKRLASMFSAVQPNN</p>
967	C71144 muCDH19 (44-770)	искусст- венная	nt	<p>gcctgggtgtggagaccatttggtggttctagaagaaatggatgatatacaatgtggttgaa  agctaagatctgacttagacaatggaaacaactctttccagtacaagctactggggattgg  cgctggaagcttttagcattaatgaaagaacaggtgaaatatgtgccatacagaagcttgat</p>

			<p>agagaggaaaaatccctctacatttctgagagcccaggtaatagacaccactattgggaagg ctgtggaaactgaatccgagtttgtcatcagagttttggatatcaatgacaatgaaccag attcctagatgaaccatatgaggccattgtacctgagatgtctccagaaggaaacatttgtc atcaaggtgacagccaatgacgcagatgatccttcaactggctatcatgctcgcacatctat acaacttagaacgaggtcaaccatacttttctgttgagccaacaacaggagtcataaggat atcttctaagatggatagagagttgcaagatacatactgtgtaattattcaagccaaggac atgctcggtcagcctggagccttgtctggaacaacaaccgtatcaattaagctgtcagata ttaatgacaacaagccaatattcaaagaaagtttctaccgcttcactatatctgaatctgc accattggaacatcaatagggaaaattatggcatatgatgatgacataggggagaatgca gagatggagtacagcattgaagatgatgattcaaaaatatttgacataatcattgacaatg acaccaagaagggatagttatacttaaaaagaaagttgattttgagcagcagagctatta tggcattagagctaaggttaaaaactgccatgtggatgaagagcttgcacctgccatggt aacgcttcacaacctacattaaagttcaagtagaagatgaagatgaacctcctgttttcc tcttaccatattacatacttgaaattcctgaaggaaaaccatatggaacaattgtggggac ggtttctgccacagaccagatcgaagacaatctcctatgagatattatctcactggaagc aaaatgtttgatatcaatgacaatggaacaataatcaccactaacatgcttgacagagagg tcagtgcttgggtacaacttgactgtcacagctactgaaacatacaatgtacaacagatctc ttcagcccatgtttatgtacaagtctttaacattaacgacaatgctccagagttctctcaa ttctatgagacttatgtttgtgaaaatgctgaatctggtgagatagttcagatcatcagtg caattgatagagatgagtccatagaagatcaccatttttactttaatcactctctggaaga cacaacaactcaagttttatgctaacagacaatcaagataacacagctgtaattctgagt aatagaactggtttcaatcttaagaagagcctgtcttctacatgatcatcttgattgctg ataacgggatcccatctctcacaagcacaacactctcactatccaagtctgtgactgtgg</p>
--	--	--	---

				<p>agacagtagaaacacagaaacttgtgctaacaagggacttctctttatcatgggattcaga  acagaggcaataattgccatcatgatatgtgttatggtaatatttgggtttttctttttga  ttcttgctctgaaacagcgaagaaggagactctatttccagagaagactgaagactttag  ggagaatatattttgctatgatgatgaaggcggcggggaagaagactcgggaagcctttgac  atcgtagagctgagacaaagtacagtaatgagagaaagaagcctcagagaagcaagagtg  cggagatcaggagcttgtacaggcagtccttgcaggtgggcccagacagtgccatatttcg  aaaatttatcctagagaagcttgaagaagccaacacagaccatgtgctccccctttgat  tcactacagacgtttgcctatgagggaacagggatcatcagctggctctctgagctccttgg  catccagagacactgatcaggaggatgacttcgactaccttaatgacctgggacctcgttt  taaaagattagcaagcatgtttggctctgcagtacaaccaacaattag</p>
968	Flag-метка	искусст- венная	aa	DYKDDDDK
969	Flag-метка	искусст- венная	nt	gactacaaagacgatgacgacaag



## Биспецифические связывающие молекулы

SEQ ID NO.	ОБОЗНАЧЕНИЕ	ИСТОЧНИК	ТИП	ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ
970	CDR-H1 CDH19 2G6	искусст- венная	AA	SYGMH
971	CDR-H2 CDH19 2G6	искусст- венная	AA	FIWYDGSNKYYADSVKD
972	CDR-H3 CDH19 2G6	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYGMDV
973	CDR-L1 CDH19 2G6	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYTC
974	CDR-L2 CDH19 2G6	искусст- венная	AA	QDTKRPS
975	CDR-L3 CDH19 2G6	искусст- венная	AA	QAWDSSTVV
976	VH CDH19 2G6	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGACCGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAG TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC

977	VH 2G6	CDH19	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGNSNKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGTTVTVSS
978	VL 2G6	CDH19	искусст- венная	NT	TACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGT TCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAGTACACCTGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCCCC CTGCTGGTCATCTACCAGGACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCC AACTCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTAC TACTGCCAGGCCTGGGACTCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
979	VL 2G6	CDH19	искусств енная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYTECWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVL
980	VH-VL CDH19 2G6		искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGACCGGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAG TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACACCCTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAGTACACCTGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCCCCCTGCTGGTCATCTACCAG GACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCCAACCTCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAC TCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
981	VH-VL CDH19 2G6		искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGNSNKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGTTVTVSSG

				GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKCYTCWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGKLTVL
982	CDH19 2G6 x I2C	искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKCYTCWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGKLTVLSSGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLISGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGKLTVLHHH HHH
983	CDR-H1 CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	SYGMH
984	CDR-H2 CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	VIWYDGSNKYYADSVKG
985	CDR-H3 CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	DGWELSFYD
986	CDR-L1 CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	RASQGISNYLA

987	CDR-L2 CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	AASSLQS
988	CDR-L3 CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	QHYFTYPRT
989	VH CDH19 16E2.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCATCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGGGACATCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGACGGCTGGGAGCTGTCTTC GATTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
990	VH CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFI FSSYGMHWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VKGRFTISRDISKNTLYLQMNLSLRVEDTAVYYCARDGWELSFDYWGQGLTVTVSS
991	VL CDH19 16E2.1	искусст- венная	NT	GACATCCAGATGACCCAGTCCCCCTCCAGCCTGTCCGCCTCCGTGGGCGACAGAGTGACCATC ACCTGTCGGGCCTCCCAGGGCATCAGCAACTACCTGGCCTGGCTGCAGCAGAAGCCCGGCAAG GCCCCAAGTCCCTGATCTACGCCGCCAGCTCCCTGCAGTCCGGCGTGCCCTCCAAGTTCTCC GGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCTCCAGCCTGCAGCCCAGGACTTCGCC ACCTACTACTGCCAGCACTACTTCACCTACCCCCGGACCTTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAG
992	VL CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLAWLQOKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFS GSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQHYFTYPRTFGQGTKVEIK
993	VH-VL	искусст-	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT

	CDH19 16E2.1	венная		TGCGCCGCCTCCGGCTTCATCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTACCATCTCCCGGGACATCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGACGGCTGGGAGCTGTCTTC GATTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGCGGT GGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGACATCCAGATGACCCAGTCCCCCTCCAGCCTGTCCGCCTCC GTGGGCGACAGAGTGACCATCACCTGTGCGGCCTCCAGGGCATCAGCAACTACCTGGCCTGG CTGCAGCAGAAGCCCGCAAGGCCCCCAAGTCCCTGATCTACGCCGCCAGCTCCCTGCAGTCC GGCGTGCCCTCCAAGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCTCCAGC CTGCAGCCCGAGGACTTCGCCACCTACTACTGCCAGCACTACTTCACCTACCCCGGACCTTC GGACAGGGCACCAAGGTGAAATCAAG
994	VH-VL CDH19 16E2.1	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFI FSSYGMHWVRQTPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDISKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGWELSDYWGQGLVTVSSGGGGSGGG GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGRVITCRASQGISNYLAWLQKPGKAPKSLIYAASSLQS GVPSKFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQHYFTYPRTFGQGTKVEIK
995	CDH19 16E2.1 I2C	искусст- венная	x	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFI FSSYGMHWVRQTPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDISKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGWELSDYWGQGLVTVSSGGGGSGGG GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGRVITCRASQGISNYLAWLQKPGKAPKSLIYAASSLQS GVPSKFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQHYFTYPRTFGQGTKVEIKSGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDR FTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNEFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSGTQVVTQEPSTVSPGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH

996	CDR-H1 CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	SYAWS
997	CDR-H2 CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	YIYYIGSTNYNPSLKS
998	CDR-H3 CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	DSRYRSGWYDAFDI
999	CDR-L1 CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	RASQSVAGSYLA
1000	CDR-L2 CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	GASSRAT
1001	CDR-L3 CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	QQYGKSPIT
1002	VH CDH19 17H8.2	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCAACTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCCTGTACTACTGCGCCAGAGACTCCCGGTACAGATCCGGGTGG

				TACGACGCCTTCGACATCTGGGGCCAGGGCACCATGGTCACCGTGTCTCT
1003	VH CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVSS
1004	VL CDH19 17H8.2	искусст- венная	NT	GATATCGTGCTGACCCAGTCCCCCGGCACCCTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCTCAGTCCGTGGCCGGCTCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTCCGGCGCCTCTTCTAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTT TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCAAGTCCCCATCACCTTCGGCCAGGGAACCCGGCTG GAAATGAAG
1005	VL CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	DIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLISGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGRLEMK
1006	VH-VL CDH19 17H8.2	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCAACTCCTACTACTGGTCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCCTGTACTACTGCGCCAGAGACTCCCGGTACAGATCCGGGTGG TACGACGCCTTCGACATCTGGGGCCAGGGCACCATGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGC TCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCCGATATCGTGCTGACCCAGTCCCCCGGCACC CTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGAGAGCCTCTCAGTCCGTGGCCGGC TCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTCCGGCGCC TCTTCTAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACC CTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCAAG TCCCCATCACCTTCGGCCAGGGAACCCGGCTGGAAATGAAG

1007	VH-VL CDH19 17H8.2	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSDIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLI SSRATGIPDRFSGSGGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYKSPITFGQGRLEMK
1008	CDH19 17H8.2 I2C	x искусст- венная		QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSDIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLI SSRATGIPDRFSGSGGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYKSPITFGQGRLEMKSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSGTQVVTQEPSTLVSPGGTIVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1009	CDR-H1 CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	SYFIH
1010	CDR-H2 CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQKFQG
1011	CDR-H3 CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	GGIQLWLHLDY
1012	CDR-L1	искусст-	AA	SGSRSNIGSNFVN



	CDH19 19B5.1	венная		
1013	CDR-L2 CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1014	CDR-L3 CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	ATWDDSMNGWV
1015	VH CDH19 19B5.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTCT
1016	VH CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
1017	VL CDH19 19B5.1	искусст- венная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCCTCCACCACCGGCACACCTGGCCAGCGGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTACAAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCGACCGGTTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAG TCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCATGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTG

1018	VL CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	QSALTQPPSTTGTPGQRVTI SC SG SRSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVL IYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAI SGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVL
1019	VH-VL CDH19 19B5.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCCTCCACCACCGGC ACACCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTACAAGCAGCTGCCCCGGCACCCGCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGTCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCATG AACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
1020	VH-VL CDH19 19B5.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTF TSYFIHWVRQAPGQGLEWMGI INPI SVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSTTGTPGQRVTI SC SG SRSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVL IYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAI SGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVL
1021	CDH19 19B5.1 x I2C	искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTF TSYFIHWVRQAPGQGLEWMGI INPI SVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSTTGTPGQRVTI SC SG SRSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVL IYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAI SGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD

				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1022	CDR-H1 CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	SYFIH
1023	CDR-H2 CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQKFQG
1024	CDR-H3 CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	GGIQLWLHFDY
1025	CDR-L1 CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	SGSSSNIGSNFVN
1026	CDR-L2 CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1027	CDR-L3 CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	ATWDDSLNGWV

1028	VH CDH19 20D3.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1029	VH CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGI INPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
1030	VL CDH19 20D3.1	искусст- венная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCTGCCACCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAAGTGGTACAAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTT TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAG TCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCCTGAACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTG
1031	VL CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNQRPSPGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDES DYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1032	VH-VL CDH19 20D3.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCTGCCACCGGC

				<p>ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAAC TTC  GTGAACTGGTACAAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG  CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC  ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGTCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCCTG  AACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG</p>
1033	VH-VL CDH19 20D3.1	искусст- венная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK  FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTI SCGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVL IYTNNQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDES DYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVL</p>
1034	CDH19 20D3.1 I2C	искусст- венная		<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK  FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTI SCGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVL IYTNNQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDES DYCATWDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE  VQLVESGGGLVQP GGS LKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD  SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG  GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI  GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH  HH</p>
1035	CDR-H1 CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	SYFIH
1036	CDR-H2 CDH19	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQKFQG

	22D1.1			
1037	CDR-H3 CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	GGIQLWLHLDY
1038	CDR-L1 CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	SGSSSNIGSNFVN
1039	CDR-L2 CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1040	CDR-L3 CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	ATWDDSMNGWV
1041	VH CDH19 22D1.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGCGGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTIONTGGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTCT
1042	VH CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
1043	VL CDH19 22D1.1	искусст- венная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCCGCTACCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTACAAGCAGCTGCCCGGC

				ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGTCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCATGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTG
1044	VL CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSPGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVL
1045	VH-VL CDH19 22D1.1	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGCGGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGGGATCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCCGCTACCGGC ACCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTACAAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGTCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCATG AACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
1046	VH-VL CDH19 22D1.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNO RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVL

1047	CDH19 22D1.1 x I2C	искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCKVSgytftSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDtAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYKQLPGTAPKVLITYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDESDYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLSSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDtAVYYCVRHGnFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPslTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSgNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLsgVQPEDEAEYYCvLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1048	CDR-H1 CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	SYAMN
1049	CDR-H2 CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	TISGGGANTYYADSVKG
1050	CDR-H3 CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	GGMGGYYYGMDV
1051	CDR-L1 CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	RASQSISSNLA



1052	CDR-L2 CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	GAFTRAT
1053	CDR-L3 CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	QQYNYWPLT
1054	VH CDH19 22G10.1	искусст- венная	NT	GAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCTCCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCCGCCGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1055	VH CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSLRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1056	VL CDH19 22G10.1	искусст- венная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCCGAGTTACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAG
1057	VL CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVS GSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIK

1058	VH-VL CDH19 22G10.1	искусст- венная	NT	GAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCTCCGACAACCTCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGCCGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAAC CTGGCCTGGTTCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAG
1059	VH-VL CDH19 22G10.1	искусст- венная	AA	EVQLLESGLLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIK
1060	CDH19 22G10.1 x I2C	искусст- венная		EVQLLESGLLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLTVTVSSGGG SGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG

				TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1061	CDR-H1 CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	RYGIH
1062	CDR-H2 CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	VIWYDGSNKYYADSVKG
1063	CDR-H3 CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	RAGIPGTTGYYYGMDV
1064	CDR-L1 CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYVC
1065	CDR-L2 CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	QDNKWPS
1066	CDR-L3 CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	QAWDSSTVV
1067	VH CDH19 23A10.3	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCTGATGAAC

				TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1068	VH CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKLEWVAVIWDGSKNYYS VKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1069	VL CDH19 23A10.3	искусст- венная	NT	TACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGT TCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAATACGTGTGCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGTCCCC ATCCTGGTCATCTACCAGGACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCC AACTCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTAC TACTGCCAGGCCTGGGACTCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
1070	VL CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKDYVCWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFEGGKLTVL
1071	VH-VL CDH19 23A10.3	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGACAACTCCAAGAACACCCTGTACCTGCTGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAATACGTGTGCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGTCCCCCATCCTGGTCATCTACCAG GACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCCAACCTCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAC TCCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG

1072	VH-VL CDH19 23A10.3	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVCWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVL
1073	CDH19 23A10.3 x I2C	искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVCWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSGTQVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCSGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1074	CDR-H1 CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	SYIYH
1075	CDR-H2 CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	IINPSGGSTRYAQKFQG
1076	CDR-H3 CDH19 25F8.1	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY

1077	CDR-L1 CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	SGSSSNIGRNFVN
1078	CDR-L2 CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1079	CDR-L3 CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	AAWDDSLNGWV
1080	VH CDH19 25F8.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTACATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCCGGCGGCTCCACCAGATACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1081	VH CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFSTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTRYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
1082	VL CDH19 25F8.1	искусст- венная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCTGCCACCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCCGGAACCTTCGTGAACTGGTACAAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAG TCCGACTACTACTGTGCCGCTGGGACGACTCCCTGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTG

1083	VL CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAIISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1084	VH-VL CDH19 25F8.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTACATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCCGGCGGCTCCACCAGATACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCTGCCACCGGC ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCCGGAAC TTC GTGAACTGGTACAAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGTCCGACTACTACTGTGCCGCTGGGACGACTCCCTG AACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
1085	VH-VL CDH19 25F8.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTRYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1086	CDH19 25F8.1 I2C	искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTRYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYKQLPGTAPKVLIIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDESDYYCAAWDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD

				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1087	CDR-H1 CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	GYYS
1088	CDR-H2 CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	YIYYIGSTNYPNPSLKS
1089	CDR-H3 CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	DGSSGWYRWFD
1090	CDR-L1 CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	RASQSVSSSYLA
1091	CDR-L2 CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	GASSRAT
1092	CDR-L3 CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	QQYGN SPLT



1093	VH CDH19 25G10.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATGTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCTCCGGCTGGTATCGT TGGTTCGACCCTTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTAGC
1094	VH CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLTVTVSS
1095	VL CDH19 25G10.1	искусст- венная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCTCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTTCGGCGCCTCTTCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTT TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTACCCTGACCATCTCCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACCACTGCCAGCAGTACGGCAACAGCCCCCTGACCTTCGGCGGAGGCACCAAGGTG GAAATCAAG
1096	VL CDH19 25G10.1	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGTKVEIK
1097	VH-VL CDH19 25G10.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATGTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCTCCGGCTGGTATCGT TGGTTCGACCCTTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCTGTCC

				CTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTAC CTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTTCGGCGCCTCTTCC AGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACC ATCTCCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACCACTGCCAGCAGTACGGCAACAGCCCC CTGACCTTCGGCGGAGGCACCAAGGTGGAAATCAAG
1098	VH-VL CDH19 25G10.1	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI FGASS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGTKVEIK
1099	CDH19 25G10.1 x I2C	искусст- венная		QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI FGASS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYHCQQYGN SPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNMLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1100	CDR-H1 CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	SYYS
1101	CDR-H2 CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	IIHPSGGDTTYAQKFQG

1102	CDR-H3 CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	GGIKLWLHFDY
1103	CDR-L1 CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1104	CDR-L2 CDH19 26D1.1	искусств енная	AA	TNNQRPS
1105	CDR-L3 CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	AVWDDSLNGWV
1106	VH CDH19 26D1.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1107	VH CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTSYYSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLVTVSS
1108	VL CDH19 26D1.1	искусств енная	NT	CATTCCGTGCTGACCCAGTCTCCTTCCGCCTCCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC

				TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGACTCCCTGAACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTG
1109	VL CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	HSVLTQSPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1110	VH-VL CDH19 26D1.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCATTCCTGTCTGACCCAGTCTCCTTCCGCCTCCGGC ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGTCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGACTCCCTG AACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
1111	VH-VL CDH19 26D1.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLFHDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSHSVLTQSPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1112	CDH19 26D1.1 x	искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLFHDYWGQGLVTVSSGGGGSG

	I2C			GGSGGGGSHSVLTQSPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKN TAYLQMN LKTEDTAVYYCVRHG NFGNSYISYWAYWGQGT LVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1113	CDR-H1 CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	NYYS
1114	CDR-H2 CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	IINPSGGDSTYAQKFQG
1115	CDR-H3 CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	GGIQLWLHFDY
1116	CDR-L1 CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1117	CDR-L2 CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	TNYQRPS

1118	CDR-L3 CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	AVWDDSLNGWV
1119	VH CDH19 26F12.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1120	VH CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTNYYSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGR L T M T G D T S T S T V Y M E L S S L R S E D T A V Y Y C A R G G I Q L W L H F D Y W G Q G T L V T V S S
1121	VL CDH19 26F12.1	искусст- венная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGTCCCCTTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGACTCCCTGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTG
1122	VL CDH19 26F12.1	искусств енная	AA	QSVLTQSPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTN YQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1123	VH-VL CDH19 26F12.1	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC

				TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGTCCCCTTCCGCCTCTGGC ACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGACTCCCTG AACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
1124	VH-VL CDH19 26F12.1	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGR LMTGDTSTSTVYME LSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQSPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1125	CDH19 26F12.1 x I2C	искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGR LMTGDTSTSTVYME LSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQSPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1126	CDR-H1 CDH19 4A9	искусст- венная	AA	GYYS

1127	CDR-H2 CDH19 4A9	искусст- венная	AA	YFSYSGSTNYNPSLKS
1128	CDR-H3 CDH19 4A9	искусст- венная	AA	NWAFHFDF
1129	CDR-L1 CDH19 4A9	искусств енная	AA	TGSSSNIGTGYAVH
1130	CDR-L2 CDH19 4A9	искусст- венная	AA	GNNNRPS
1131	CDR-L3 CDH19 4A9	искусст- венная	AA	QSYDSRLSGWV
1132	VH CDH19 4A9	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGTTCGCCTACTTCTCCTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCCTGTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCCGGAACTGGGCCTTCCACTTCGATTTCC TGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1133	VH CDH19 4A9	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYWSWIRQPPGKLEWFAYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGTLVTVSS
1134	VL CDH19 4A9	искусст- венная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCTCCCTCTGTGTCTGGCGCCCCTGGCCAGAGAGTGACCATCTCC TGCACCGGCTCCTCCAGCAACATCGGCACCGGCTACGCCGTGCACTGGTATCAGCAGTTCCCC GGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACGGCAACAACAACCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGG TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCTATCACCGGCCTGCAGGCTGAGGAC GAGGCCGACTACTACTGCCAGTCCTACGACTCCCGGCTGTCCGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGC



				ACCAAGCTGACCGTGCTG
1135	VL CDH19 4A9	искусст- венная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQFPGTAPKLLIYGNNNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAI TGLQAEDEADYQCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVL
1136	VH-VL CDH19 4A9	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGTTCGCCTACTTCTCCTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCCTGTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCGGTGTACTACTGCGCCCGGAAC TGGGCCTTCCACTTCGATTTTC TGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCT GGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCTCCCTCTGTGTCTGGCGCCCTGGCCAG AGAGTGACCATCTCCTGCACCGGCTCCTCCAGCAACATCGGCACCGGCTACGCCGTGCACTGG TATCAGCAGTTCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACGGCAACAACAACCGGCCCTCC GGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCTCCCTGGCTATCACCGGC CTGCAGGCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGTCTTACGACTCCCGGCTGTCCGGCTGG GTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTG
1137	VH-VL CDH19 4A9	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWFAYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGQGLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQFPGTAPKLLIYGNNNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAI TGLQAEDEADYQCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVL
1138	CDH19 4A9 x I2C	искусст- венная		QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWFAYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGQGLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQFPGTAPKLLIYGNNNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAI TGLQAEDEADYQCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQL

				VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHH
1139	CDR-H1 CDH19 4B10	искусст- венная	AA	SYDMH
1140	CDR-H2 CDH19 4B10	искусст- венная	AA	VISYDGTNEYADSVKG
1141	CDR-H3 CDH19 4B10	искусст- венная	AA	ERYFDWSFDY
1142	CDR-L1 CDH19 4B10	искусст- венная	AA	RASQSVSNTYLA
1143	CDR-L2 CDH19 4B10	искусст- венная	AA	GASSRAT
1144	CDR-L3 CDH19 4B10	искусст- венная	AA	QQYSNSWT

1145	VH 4B10	CDH19	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGACGGCACCAACGAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGC
1146	VH 4B10	CDH19	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGTLSVSS
1147	VL 4B10	CDH19	искусст- венная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTGGCCTGGTATCACCAGCGCCCTGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTT TCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCGCCCTGACCATCTCCAGCCTGGAACCCGAGGATTT GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACCTTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAG
1148	VL 4B10	CDH19	искусст- венная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYHQRPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFALTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIK
1149	VH-VL CDH19 4B10		искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGACGGCACCAACGAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG

				AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTG GCCTGGTATCACCAGCGCCCTGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCGCCCTGACCATC TCCAGCCTGGAACCCGAGGATTTGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCCTGGACC TTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAG
1150	VH-VL CDH19 4B10	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAHYHQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFALTISLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIK
1151	CDH19 4B10 x I2C	искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAHYHQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFALTISLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1152	CDR-H1 CDH19 4F3	искусст- венная	AA	SYDMD
1153	CDR-H2 CDH19 4F3	искусст- венная	AA	VIWYDGSNKYYADSVRG
1154	CDR-H3 CDH19 4F3	искусст- венная	AA	ETGEGWYFDL

1155	CDR-L1 CDH19 4F3	искусст- венная	AA	RASQSVSSSYLA
1156	CDR-L2 CDH19 4F3	искусст- венная	AA	GASSRAT
1157	CDR-L3 CDH19 4F3	искусст- венная	AA	QQYGSSWT
1158	VH CDH19 4F3	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1159	VH CDH19 4F3	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWDGNSKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSS
1160	VL CDH19 4F3	искусст- венная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAG
1161	VL CDH19 4F3	искусст- венная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIK

1162	VH-VL CDH19 4F3	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCAGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAAGATACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAG
1163	VH-VL CDH19 4F3	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLTSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIK
1164	CDH19 4F3 x I2C	искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLTSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK

				FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHH
1165	CDR-H1 CDH19 4F7	искусст- венная	AA	SYSWS
1166	CDR-H2 CDH19 4F7	искусст- венная	AA	YIYYSGSTNYNPSLKS
1167	CDR-H3 CDH19 4F7	искусст- венная	AA	NWAFHFDY
1168	CDR-L1 CDH19 4F7	искусст- венная	AA	TGSSSNIGTGVDVH
1169	CDR-L2 CDH19 4F7	искусст- венная	AA	GNSNRPS
1170	CDR-L3 CDH19 4F7	искусст- венная	AA	QSYDSSLSGWV
1171	VH CDH19 4F7	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTACTCTTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCCTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCCGGAACCTGGGCCTTCCACTTCGACTAC TGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1172	VH CDH19 4F7	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWQGTLTVSS
1173	VL CDH19 4F7	искусст- венная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCTCCCTCTGTGTCTGGCGCCCCTGGCCAGCGGTGACCATTTCC TGCACCGGCTCCTCCAGCAACATCGGCACCGGCTACGACGTGCACTGGTATCAGCAGCTGCC

				GGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCCACGGCAACTCCAACCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGG TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCTATCACCGGCCTGCAGGCTGAGGAC GAGGCCGACTACTACTGCCAGTCCTACGACTCCTCCCTGTCCGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGC ACCAGACTGACCGTGCTG
1174	VL CDH19 4F7	искусст- венная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSSLSGWVFGGGTRLTVL
1175	VH-VL CDH19 4F7	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTACTCTTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCCTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCCGAACTGGGCCTTCCACTTCGACTAC TGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCT GGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCTCCCTCTGTGTCTGGCGCCCCCTGGCCAG CGCGTGACCATTCTCTGCACCGGCTCCTCCAGCAACATCGGCACCGGCTACGACGTGCACTGG TATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCCACGGCAACTCCAACCGGCCCTCC GGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCTATCACCGGC CTGCAGGCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGTCCTACGACTCCTCCCTGTCCGGCTGG GTGTTCCGGCGGAGGCACCAGACTGACCGTGCTG
1176	VH-VL CDH19 4F7	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFQDYWGQGLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSSLSGWVFGGGTRLTVL



1177	CDH19 4F7 x I2C	искусст- венная		QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGQS SVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSSLGWSVFGGGTRLTVLSSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGGS GGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1178	CDR-H1 CDH19 14039	искусст- венная	AA	SYGMH
1179	CDR-H2 CDH19 14039	искусст- венная	AA	FIWYEGSNKYAESVKD
1180	CDR-H3 CDH19 14039	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYYGMDV
1181	CDR-L1 CDH19 14039	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYTS
1182	CDR-L2 CDH19 14039	искусст- венная	AA	QDTKRPS

1183	CDR-L3 CDH19 14039	искусст- венная	AA	QAWESSTVV
1184	VH CDH19 14039	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1185	VH CDH19 14039	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWIYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1186	VL CDH19 14039	искусст- венная	NT	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1187	VL CDH19 14039	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYQCQAWESSTVVVFGGGTKLTVL
1188	VH-VL CDH19 14039	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT

				AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGA ACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1189	VH-VL CDH19 14039	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWEYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKLTVL
1190	CDH19 14039 I2C	x искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWEYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGKLTVLHHH HHH
1191	CDR-H1 CDH19	искусст- венная	AA	SYGMH

	14304			
1192	CDR-H2 CDH19 14304	искусст- венная	AA	FIWYDGSNKYYADSVKD
1193	CDR-H3 CDH19 14304	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYYGMDV
1194	CDR-L1 CDH19 14304	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYVS
1195	CDR-L2 CDH19 14304	искусст- венная	AA	QDNKWPS
1196	CDR-L3 CDH19 14304	искусст- венная	AA	QAWDSSTVV

1197	VH CDH19 14304	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1198	VH CDH19 14304	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1199	VL CDH19 14304	искусст- венная	NT	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCC CCTATACTGGTCATCTATCAAGATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1200	VL CDH19 14304	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVL

1201	VH-VL CDH19 14304	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGGCGGATCTTCCTATGAGCTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGATTGGGG GAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTATACTGGTCATCTATCAA GATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGGAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAC AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1202	VH-VL CDH19 14304	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVL
1203	CDH19 14304 I2C	искусст- венная	x	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL

				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1204	CDR-H1 CDH19 14301	искусст- венная	AA	SYGMH
1205	CDR-H2 CDH19 14301	искусст- венная	AA	FIWYDGSNKYYADSVKD
1206	CDR-H3 CDH19 14301	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYYGMDV
1207	CDR-L1 CDH19 14301	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYTC
1208	CDR-L2 CDH19 14301	искусст- венная	AA	QDTKRPS
1209	CDR-L3 CDH19 14301	искусст- венная	AA	QAWESSTVV
1210	VH CDH19 14301	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC

				GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1211	VH CDH19 14301	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDYDGSNKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1212	VL CDH19 14301	искусст- венная	NT	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTTGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1213	VL CDH19 14301	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKDYTCWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVGGGTKLTVL
1214	VH-VL CDH19 14301	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTTGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC



				ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1215	VH-VL CDH19 14301	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKDYTCWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVL
1216	CDH19 14301 I2C	x искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKDYTCWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1217	CDR-H1 CDH19 14079	искусст- венная	AA	RYGIH
1218	CDR-H2 CDH19 14079	искусст- венная	AA	VIWYEGSNKYAESVKG
1219	CDR-H3 CDH19	искусст- венная	AA	RAGIPGTTGYYYGMDV

	14079			
1220	CDR-L1 CDH19 14079	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYVS
1221	CDR-L2 CDH19 14079	искусст- венная	AA	QDNKWPS
1222	CDR-L3 CDH19 14079	искусст- венная	AA	QAWESSTVV
1223	VH CDH19 14079	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACTGGAAC ACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1224	VH CDH19 14079	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYAES VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSS

1225	VL CDH19 14079	искусст- венная	NT	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCC CCTATACTGGTCATCTATCAAGATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1226	VL CDH19 14079	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNATLTLISGTQAMDEADYQCQAWESSTVVFGGGTKLTVL
1227	VH-VL CDH19 14079	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGAGGGAAGTAATAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACTGGAAC ACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAGCTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGATTGGGG GAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTATACTGGTCATCTATCAA GATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGGAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1228	VH-VL CDH19 14079	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKLEWVAVIWIYEGSNKYAES VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTIVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ

				DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYQCQAWESSTVVFGGGTKLTVL
1229	CDH19 14079 I2C	x искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYIAES VKGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYQCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1230	CDR-H1 CDH19 14077	искусст- венная	AA	RYGIH
1231	CDR-H2 CDH19 14077	искусст- венная	AA	VIWYDGSNKYYADSVKG
1232	CDR-H3 CDH19 14077	искусст- венная	AA	RAGIPGTTGYYYGMDV
1233	CDR-L1 CDH19 14077	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYVS

1234	CDR-L2 CDH19 14077	искусст- венная	AA	QDNKWPS
1235	CDR-L3 CDH19 14077	искусст- венная	AA	QAWDSSTVV
1236	VH CDH19 14077	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACCTGGAAC ACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1237	VH CDH19 14077	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKLEWVAVIWDGSNKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1238	VL CDH19 14077	искусст- венная	NT	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCC CCTATACTGGTCATCTATCAAGATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1239	VL CDH19 14077	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVL

1240	VH-VL CDH19 14077	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACTGGAAC ACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGGCGGATCTTCCCTATGAGCTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGATTGGGG GAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTATACTGGTCATCTATCAA GATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGGAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAC AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1241	VH-VL CDH19 14077	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVL
1242	CDH19 14077 I2C	искусст- венная	x	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL

				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1243	CDR-H1 CDH19 14096	искусст- венная	AA	SYI IH
1244	CDR-H2 CDH19 14096	искусст- венная	AA	IINPSGGSTRYAQKFQG
1245	CDR-H3 CDH19 14096	искусст- венная	AA	GGIQLWLHFDY
1246	CDR-L1 CDH19 14096	искусст- венная	AA	SGSSSNIGRNFVN
1247	CDR-L2 CDH19 14096	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1248	CDR-L3 CDH19 14096	искусст- венная	AA	AAWDESLNGWV
1249	VH CDH19 14096	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGCAAGGCATCTGGATACACCTTCACCAGCTACTATATTCAGTGGGTGCGCCAGGCCCTGGA CAAGGACTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCAGTGGTGGTAGCACAAGGTACGCACAGAAG

				TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGAATACAGCTATGGTTA CATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1250	VH CDH19 14096	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTRYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
1251	VL CDH19 14096	искусст- венная	NT	CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCT TGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGGAATTTGTAAACTGGTATCAGCAGCTCCCAGGA ACGGCCCCCAAAGTCCTCATTTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG GCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGAGAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACC AAGCTGACCGTCCTA
1252	VL CDH19	искусст- венная	AA	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSPGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDESLNGWVFGGGTKLTVL
1253	VH-VL CDH19 14096	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGCAAGGCATCTGGATACACCTTCACCAGCTACTATATTCAGTGGGTGCGCCAGGCCCTGGA CAAGGACTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCAGTGGTGGTAGCACAAGGTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGAATACAGCTATGGTTA CATTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGACTGGG ACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGGAATTTT GTAAACTGGTATCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAAGTCCTCATTTATACTAATAATCAG CGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCC



				ATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGAGAGCCTG AATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1254	VH-VL CDH19 14096	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTRYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLITYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDESLNGWVFGGGTKLTVL
1255	CDH19 14096 I2C	x искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSTSYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTRYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGRNFVNWYQQLPGTAPKVLITYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDESLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDVAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQPKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1256	CDR-H1 CDH19 14088	искусст- венная	AA	SYYS
1257	CDR-H2 CDH19 14088	искусст- венная	AA	IIHPSGGDTTYAQKFQG
1258	CDR-H3 CDH19	искусст- венная	AA	GGIKLWLHFDY

	14088			
1259	CDR-L1 CDH19 14088	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1260	CDR-L2 CDH19 14088	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1261	CDR-L3 CDH19 14088	искусст- венная	AA	AVWDDSLNGWV
1262	VH CDH19 14088	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGTAAGGCATCTGGATACACCTTCACCAGCTACTATATGTCCTGGGTGCGACAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCCACCCTAGTGGTGGTGACACAACCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGATAAAACTATGGTTA CATTTTGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1263	VH CDH19 14088	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSTSYMSWVRQAPGGLEWMGI IHPSSGDTTYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLFHDYWGQGLVTVSS
1264	VL CDH19 14088	искусст- венная	NT	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCGGACAGAGGGTCACCATCTCT TGTTCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTTGTAACCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGA ACGGCCCCAAACTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG GCTGATTATTACTGTGCAGTATGGGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTGGCGGAGGGACC

				AAGCTGACCGTCCTA
1265	VL CDH19 14088	искусст- венная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1266	VH-VL CDH19 14088	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGTAAGGCATCTGGATACACCTTCACCAGCTACTATATGTCCTGGGTGCGACAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCCACCCTAGTGGTGGTGACACAACCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGATAAAACTATGGTTA CATTTTACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGG ACCCCGGACAGAGGGTACCATCTCTTGTCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTT GTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCAACTCCTCATCTATACTAATAATCAG CGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCC ATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGTATGGGATGACAGCCTG AATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1267	VH-VL CDH19 14088	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLVLFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1268	CDH19 14088 I2C	искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLVLFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE

				VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKN TAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHG NFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1269	CDR-H1 CDH19 14085	искусст- венная	AA	SYYS
1270	CDR-H2 CDH19 14085	искусст- венная	AA	I IHPSSGDDTYAQKFQG
1271	CDR-H3 CDH19 14085	искусст- венная	AA	GGIKLWLHFDY
1272	CDR-L1 CDH19 14085	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1273	CDR-L2 CDH19 14085	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1274	CDR-L3 CDH19 14085	искусст- венная	AA	AVYDDSLNGWV

1275	VH CDH19 14085	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGTAAGGCATCTAGATACACCTTCACCAGCTACTATATGTCCTGGGTGCGACAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCCACCCTAGTGGTGGTGACACAACCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCGGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGATAAACTATGGTTA CATTTTGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1276	VH CDH19 14085	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLLWLFHFDYWGQGLVTVSS
1277	VL CDH19 14085	искусст- венная	NT	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGACAGAGGGTCACCATCTCT TGTTCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTTGTAACCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGA ACGGCCCCCAAACCTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG GCTGATTACTGTGCAGTATACGATGACAGCCTGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACC AAGCTGACCGTCCTA
1278	VL CDH19 14085	искусст- венная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVL
1279	VH-VL CDH19 14085	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGTAAGGCATCTAGATACACCTTCACCAGCTACTATATGTCCTGGGTGCGACAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCCACCCTAGTGGTGGTGACACAACCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCGGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGATAAACTATGGTTA CATTTTGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGG

				<p>ACCCCCGGACAGAGGGTCACCATCTCTTGTCTGGAAGCCGCTCCAACATCGGAAGTAATTTT  GTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACCTCCTCATCTATACTAATAATCAG  CGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCC  ATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGTATACGATGACAGCCTG  AATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA</p>
1280	VH-VL CDH19 14085	искусст- венная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTSYMSSWVRQAPGGLEWMGI IHPSSGDDTTAQAQK  FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLVLFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVL</p>
1281	CDH19 14085 I2C	искусст- венная	x	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTSYMSSWVRQAPGGLEWMGI IHPSSGDDTTAQAQK  FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLVLFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE  VQLVESGGGLVQPGLSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD  SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDVAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG  GGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI  GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH  HH</p>
1282	CDR-H1 CDH19 14074	искусст- венная	AA	SYFIH
1283	CDR-H2 CDH19	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQAQKFGQ

	14074			
1284	CDR-H3 CDH19 14074	искусств енная	AA	GGIQLWLHLDY
1285	CDR-L1 CDH19 14074	искусств- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1286	CDR-L2 CDH19 14074	искусств- венная	AA	TNNQRPS
1287	CDR-L3 CDH19 14074	искусств- венная	AA	ATWDDSMNGWV
1288	VH CDH19 14074	искусств- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTGCGCCAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAATGGATGGGAATTATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAGCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGAGGGGGGATAACAGCTATGGTTA CATTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1289	VH CDH19 14074	искусств- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
1290	VL CDH19 14074	искусств- венная	NT	CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGACTGGGACCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCT TGTTCTGGAAGCAGGTCCAACATCGGAAGCAATTTTGTAACCTGGTACCAGCAGCTCCAGGA

				ACGGCCCCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG GCTGATTACTGCGCAACATGGGATGACAGTATGAATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACC AAACTGACCGTCCTA
1291	VL CDH19 14074	искусст- венная	AA	QSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVL
1292	VH-VL CDH19 14074	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTGCGCCAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAATGGATGGGAATTATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAGCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGATAACAGCTATGGTTA CATTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGTACTGGG ACCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGTCTGGAAGCAGGTCCAACATCGGAAGCAATTTT GTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAG CGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCC ATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTACTGCGCAACATGGGATGACAGTATG AATGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAAGTACCGTCCTA
1293	VH-VL CDH19 14074	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVL
1294	CDH19	искусст-		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK



	14074 I2C	x венная		FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLITYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNEFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1295	CDR-H1 CDH19 14075	искусст- венная	AA	SYFIH
1296	CDR-H2 CDH19 14075	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQKFQG
1297	CDR-H3 CDH19 14075	искусст- венная	AA	GGIQLWLHLDY
1298	CDR-L1 CDH19 14075	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1299	CDR-L2 CDH19 14075	искусст- венная	AA	TNNQRPS

1300	CDR-L3 CDH19 14075	искусст- венная	AA	ATWDESMQGWV
1301	VH CDH19 14075	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTGCGCCAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAATGGATGGGAATTATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAGCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGC AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGATAACAGCTATGGTTA CATTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1302	VH CDH19 14075	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
1303	VL CDH19 14075	искусст- венная	nt	CAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGACTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCT TGTTCTGGAAGCAGGTCCAACATCGGAAGCAATTTTGTAACCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGA ACGGCCCCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG GCTGATTATTACTGCGCAACATGGGATGAGAGTATGCAGGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACC AAACTGACCGTCCTA
1304	VL CDH19 14075	искусст- венная	AA	QSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVL
1305	VH-VL CDH19 14075	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCC TGCAAGGTTTCTGGATACACCTTCACCAGCTACTTTATTCACTGGGTGCGCCAGGCCCTGGA CAAGGGCTTGAATGGATGGGAATTATCAACCCTATTAGTGTTAGCACAAGCTACGCACAGAAG TTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTTCATGGAGCTGAGC

				AGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGGGGATACAGCTATGGTTA CATTTGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGCGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGA CTGGG ACCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGTCTGGAAGCAGGTCCAACATCGGAAGCAATTTT GTAAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCAAAGTCCTCATCTATACTAATAATCAG CGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCC ATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCGCAACATGGGATGAGAGTATG CAGGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAAACCTGACCGTCCTA
1306	VH-VL CDH19 14075	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTF TSYFIHWVRQAPGQGLEWMGI INPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSALTQPPSVTGTGPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVL
1307	CDH19 14075 I2C	x искусст- венная		QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKVSGYTF TSYFIHWVRQAPGQGLEWMGI INPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSALTQPPSVTGTGPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHG NFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH

1308	CDR-H1 CDH19 14024	искусст- венная	AA	SSGY
1309	CDR-H2 CDH19 14024	искусст- венная	AA	YIYYTGSAYYNPSLKS
1310	CDR-H3 CDH19 14024	искусст- венная	AA	DGSSGWYFQY
1311	CDR-L1 CDH19 14024	искусст- венная	AA	RASRQISSSYLA
1312	CDR-L2 CDH19 14024	искусст- венная	AA	GPSSRAT
1313	CDR-L3 CDH19 14024	искусст- венная	AA	QQYGSSFT

1314	VH CDH19 14024	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTGGTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCC CCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACACTGGGAGCGCCTACTACAACCCG TCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTG AGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGAAGCAGTGGCTGG TACTTCCAGTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCTAGT
1315	VH CDH19 14024	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYTGSAYYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSS
1316	VL CDH19 14024	искусст- венная	nt	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC TCCTGCAGGGCCAGTCGGCAGATTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGC CAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTCCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCC AGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTT GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCATTCACTTTCGGCCAGGGGACCAAAGTGGAT ATCAAA
1317	VL CDH19 14024	искусст- венная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPPSSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSTFTFGQGTKVDIK
1318	VH-VL CDH19	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTGGTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCC CCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACACTGGGAGCGCCTACTACAACCCG TCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTG AGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGAAGCAGTGGCTGG TACTTCCAGTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTGAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCT

				TTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCGGCAGATTAGCAGCAGCTAC TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTCCATCCAGC AGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACC ATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCATTC ACTTTCGGCCAGGGGACCAAAGTGGATATCAAA
1319	VH-VL CDH19 14024	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGSAYYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIK
1320	CDH19 14024 I2C	искусст- венная	x	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGSAYYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1321	CDR-H1 CDH19 14054	искусст- венная	AA	SYDMH
1322	CDR-H2 CDH19 14054	искусст- венная	AA	VISYDGTNEYADSVKG

1323	CDR-H3 CDH19 14054	искусст- венная	AA	ERYFDWSFDY
1324	CDR-L1 CDH19 14054	искусст- венная	AA	RASQSVSNTYLA
1325	CDR-L2 CDH19 14054	искусст- венная	AA	GASSRAT
1326	CDR-L3 CDH19 14054	искусст- венная	AA	QQYSNSWT
1327	VH CDH19 14054	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGACATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAAC TAATGAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACACTTCCAAGAACACGCTGTATTTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGAACGATATTTTGACTGGTCT TTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCAGCGTCTCTAGT
1328	VH CDH19 14054	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKLEWVAVISYDGTNEYYS ADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSS
1329	VL CDH19 14054	искусст- венная	nt	GAAATTGTATTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTC TCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAACACCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAGACCTGGC CAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGATTC

				AGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGGAGCCTGAAGATTTT GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTACAGTAACTCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAA
1330	VL CDH19 14054	искусст- венная	AA	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIK
1331	VH-VL CDH19 14054	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGACATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAACATAATGAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACACTTCCAAGAACACGCTGTATTTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGAACGATATTTTACTGGTCT TTTACTACTGGGGCCAGGGAACCTGGTCCAGCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGATCTGGCGGA GGTGAAGCGGAGGCGGCGGATCTGAAATTGTATTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTG TCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAACACCTACTTA GCCTGGTACCAGCAGAGACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGG GCCACTGGCATCCCAGACAGATTCAGTGGCAGTGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATC AGCAGTCTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTACAGTAACTCGTGGACG TTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
1332	VH-VL CDH19 14054	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIK
1333	CDH19 14054	искусст- венная	x	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG



	I2C			GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1334	CDR-H1 CDH19 14056	искусст- венная	AA	GYYS
1335	CDR-H2 CDH19 14056	искусст- венная	AA	YFSYSGSTNYPNPSLKS
1336	CDR-H3 CDH19 14056	искусст- венная	AA	NWAFHFDF
1337	CDR-L1 CDH19 14056	искусст- венная	AA	TGSSSNIGTGYAVH
1338	CDR-L2 CDH19 14056	искусст- венная	AA	GNNNRPS
1339	CDR-L3 CDH19	искусст- венная	AA	QSYDSRLSGWV

	14056			
1340	VH CDH19 14056	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGC ACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGT TACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGA AAGGGACTGGAGTGGTTTGCATATTTCTCTTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCTTATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACTGGGCCTTCCACTTTGACTTC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGT
1341	VH CDH19 14056	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWFAYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGLVTVSS
1342	VL CDH19 14056	искусст- венная	nt	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGACAGAGGGTCACCATCTCC TGC ACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGACAGTTATGCTGTACTGGTACCAGCAGCTTCCA GGAACAGCCCCAAACTCCTCATCTATGGTAACAACAATCGGCCCTCAGGGGTTCCCTGACCGA TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGAT GAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGACTGAGTGGTTGGGTGTTGCGCGGAGGG ACCAAGCTGACCGTCCTA
1343	VL CDH19 14056	искусст- венная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAI TGLQAEDEADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVL
1344	VH-VL CDH19 14056	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGC ACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGT TACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGA AAGGGACTGGAGTGGTTTGCATATTTCTCTTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCTTATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACTGGGCCTTCCACTTTGACTTC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGC

				GGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGACAG AGGGTCACCATCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGACAGGTTATGCTGTACTG TACCAGCAGCTTCCAGGAACAGCCCCAACTCCTCATCTATGGTAACAACAATCGGCCCTCA GGGGTTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGG CTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGACTGAGTGGTTGG GTGTTCCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1345	VH-VL CDH19 14056	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWFAYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGTLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRSLSGWVFGGGTKLTVL
1346	CDH19 14056 I2C	искусст- венная x		QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWFAYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGTLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRSLSGWVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNKLTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGS GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLVSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1347	CDR-H1 CDH19 14057	искусст- венная	AA	GYYS
1348	CDR-H2 CDH19	искусст- венная	AA	YFSYSGSTNYNPSLKS

	14057			
1349	CDR-H3 CDH19 14057	искусст- венная	AA	NWAFHFDF
1350	CDR-L1 CDH19 14057	искусст- венная	AA	TGSSSNIGTGYAVH
1351	CDR-L2 CDH19 14057	искусст- венная	AA	GNNNRPS
1352	CDR-L3 CDH19 14057	искусст- венная	AA	QSYDSRLSGWV
1353	VH CDH19 14057	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGA AAGGGACTGGAGTGGATTGGATATTTCTCTTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCTTATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACTGGGCCTTCCACTTTGACTTC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGT
1354	VH CDH19 14057	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGTLVTVSS
1355	VL CDH19 14057	искусст- венная	nt	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGACAGAGGGTCACCATCTCC TGCACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGACAGGTTATGCTGTACACTGGTACCAGCAGCTTCCA

				GGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATCTATGGTAACAACAATCGGCCCTCAGGGGTTCTGACCGA TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGAT GAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGACTGAGTGGTTGGGTGTTCTGGCGGAGGG ACCAAGCTGACCGTCCTA
1356	VL CDH19 14057	искусст- венная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVL
1357	VH-VL CDH19 14057	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTGGTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGA AAGGGACTGGAGTGGATTGGATATTTCTCTTACAGTGGGAGCACCACACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCTTATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACCTGGGCCTTCCACTTTGACTTC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGC GGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGACAG AGGGTCACCATCTCCTGCACTGGGAGCAGTCCAACATCGGGACAGTTATGCTGTACACTGG TACCAGCAGCTTCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATCTATGGTAACAACAATCGGCCCTCA GGGGTTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGG CTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGACTGAGTGGTTGG GTGTTCTGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1358	VH-VL CDH19 14057	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWGQGLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVL

1359	CDH19 14057 I2C	искусст- венная	aa	QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYFSYSGSTNYNPSL KSRVTLSDVTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFWQGTLLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGQS SVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYAVHWYQQLPGTAPKLLIYGNNNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSRLSGWVFGGGTKLTVLSSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLVTVSSGGGGGS GGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1360	CDR-H1 CDH19 14049	искусст- венная	AA	SYSWS
1361	CDR-H2 CDH19 14049	искусст- венная	AA	YIYYSGSTNYNPSLKS
1362	CDR-H3 CDH19 14049	искусст- венная	AA	NWAFHFDY
1363	CDR-L1 CDH19 14049	искусст- венная	AA	TGSSSNIGTGYDVH
1364	CDR-L2 CDH19 14049	искусст- венная	AA	GNSNRPS

1365	CDR-L3 CDH19 14049	искусст- венная	AA	QSYDSSLSGWV
1366	VH CDH19 14049	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGG AAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAAC TGGGCCCTTCCACTTTGACTAC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGT
1367	VH CDH19 14049	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDFYWGQGLVTVSS
1368	VL CDH19 14049	искусст- венная	nt	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCATCTCC TGCACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGGTTATGATGTACTGGTATCAGCAGCTTCCA GGAACAGCCCCAACTCCTCATCTATGGTAACAGCAATCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGA TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGAT GAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGGGTGTTCCGGCGGAGGG ACCAGGTTGACCGTCCTA
1369	VL CDH19 14049	искусст- венная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAIITGLQAEDEADYQCQSYDSSLSGWVFGGGTRLTVL
1370	VH-VL CDH19 14049	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGG AAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT

				GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACTGGGCCTTCCACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCATCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGGTTATGATGTACTACTGGTATCAGCAGCTTCCAGGAACAGCCCCAACTCCTCATCTATGGTAACAGCAATCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGGGTGTTTCGGCGGAGGGACCAGGTTGACCGTCCTA
1371	VH-VL CDH19 14049	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLSGWVFGGGTRLTVL
1372	CDH19 14049 I2C	искусст- венная x	aa	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLSGWVFGGGTRLTVLSSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1373	CDR-H1 CDH19 14302	искусст- венная	AA	SYGMH



1374	CDR-H2 CDH19 14302	искусст- венная	AA	FIWYDGSNKYYADSVKD
1375	CDR-H3 CDH19 14302	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYYGMDV
1376	CDR-L1 CDH19 14302	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYTS
1377	CDR-L2 CDH19 14302	искусст- венная	AA	QDTKRPS
1378	CDR-L3 CDH19 14302	искусст- венная	AA	QAWESSTVV
1379	VH CDH19 14302	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1380	VH CDH19 14302	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYYGMDVWGQGTTVTVSS

1381	VL CDH19 14302	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1382	VL CDH19 14302	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNATLTLISGTQAMDEADYQCQAWESSTVVFGGGTKLTVL
1383	VH-VL CDH19 14302	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1384	VH-VL CDH19 14302	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTIVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ

				DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYICQAWESSTVVFGGGTKLTVL
1385	CDH19 14302 I2C	x искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYICQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGGTKLTVLHHHHHH
1386	CDR-H1 CDH19 14303	искусст- венная	AA	SYGMH
1387	CDR-H2 CDH19 14303	искусст- венная	AA	FIWYEGSNKYAESVKD
1388	CDR-H3 CDH19 14303	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYGMDV
1389	CDR-L1 CDH19 14303	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYTS
1390	CDR-L2	искусст-	AA	QDTKRPS

	CDH19 14303	венная		
1391	CDR-L3 CDH19 14303	искусст- венная	AA	QAWESSTVV
1392	VH CDH19 14303	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGTTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1393	VH CDH19 14303	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWIYEGSNKYAES VKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSS
1394	VL CDH19 14303	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1395	VL CDH19 14303	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVL
1396	VH-VL CDH19	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC

	14303			AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1397	VH-VL CDH19 14303	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWEYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKQYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYCYQAWESSTVVFSGGKTLTVL
1398	CDH19 14303 I2C	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWEYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKQYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYCYQAWESSTVVFSGGKTLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWWVQKPGQAPRGL IGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGKTLTVLHHH HHH

1399	CDR-H1 CDH19 14078	искусст- венная	AA	RYGIH
1400	CDR-H2 CDH19 14078	искусст- венная	AA	VIWYDGSNKYYADSVKG
1401	CDR-H3 CDH19 14078	искусст- венная	AA	RAGIPGTTGYYYYGMDV
1402	CDR-L1 CDH19 14078	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYVS
1403	CDR-L2 CDH19 14078	искусст- венная	AA	QDNKWPS
1404	CDR-L3 CDH19 14078	искусст- венная	AA	QAWDSSTVV
1405	VH CDH19 14078	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCGAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACTGGAAC

				ACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1406	VH CDH19 14078	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGNSNKYYADS VKGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGT TTVTVSS
1407	VL CDH19 14078	искусст- венная	nt	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCC CCTATACTGGTCATCTATCAAGATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAAC TCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1408	VL CDH19 14078	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFEGGGTKLTVL
1409	VH-VL CDH19 14078	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCGAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACTGGAAC ACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGGCGGATCTTCCTATGAGCTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGATTGGGG GAGAAATATGTTAGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTATACTGGTCATCTATCAA GATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAAC TCTGGGAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAC AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

1410	VH-VL CDH19 14078	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVL
1411	CDH19 14078 I2C	x искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVVVTQEPVSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1412	CDR-H1 CDH19 14080	искусст- венная	AA	RYGIH
1413	CDR-H2 CDH19 14080	искусст- венная	AA	VIWYDGSNKYYADSVKG
1414	CDR-H3 CDH19 14080	искусст- венная	AA	RAGIPGTTGYYYGMDV



1415	CDR-L1 CDH19 14080	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYVY
1416	CDR-L2 CDH19 14080	искусст- венная	AA	QDNKWPS
1417	CDR-L3 CDH19 14080	искусст- венная	AA	QAWDSSTVV
1418	VH CDH19 14080	искусств енная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCTAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACCTGGAAC ACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1419	VH CDH19 14080	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1420	VL CDH19 14080	искусст- венная	nt	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGATTGGGGGAGAAATATGTTTACTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCC CCTATACTGGTCATCTATCAAGATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGACCAAGCTGACCGTC CTA

1421	VL CDH19 14080	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVYWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVL
1422	VH-VL CDH19 14080	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTCGCTATGGCATACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCTAATGAAC AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATACCTGGA ACTACGGGCTACTACTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAGCTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGATTGGGG GAGAAATATGTTTACTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTATACTGGTCATCTATCAA GATAATAAGTGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCA ACTCTGAGGACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAC AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGGGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1423	VH-VL CDH19 14080	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVYWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVL
1424	CDH19 14080 I2C	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VKGRFTISRDNKNTLYLLMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVYWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA

				DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1425	CDR-H1 CDH19 13591	искусст- венная	AA	SYSWS
1426	CDR-H2 CDH19 13591	искусст- венная	AA	YIYYSGSTNYPNPSLKS
1427	CDR-H3 CDH19 13591	искусств енная	AA	NWAFHFDY
1428	CDR-L1 CDH19 13591	искусств енная	AA	TGSSSNIGTGYDVH
1429	CDR-L2 CDH19 13591	искусств енная	AA	GNSNRPS
1430	CDR-L3 CDH19 13591	искусств енная	AA	QSYDSSLGQWV

1431	VH CDH19 13591	искусств енная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGG AAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACCTGGGCCTTCCACTTTGACTAC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGT
1432	VH CDH19 13591	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFYDWGQGLVTVSS
1433	VL CDH19 13591	искусств енная	nt	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCATCTCC TGCACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGTTATGATGTACACTGGTATCAGCAGCTTCCA GGAACAGCCCCAAACTCCTCATCCATGGTAACAGCAATCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGA TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGAT GAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGGGTGTTCCGGCGGAGGG ACCAGGTTGACCGTCCTA
1434	VL CDH19 13591	искусств енная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSSLGWFVGGGTRLTVL
1435	VH-VL CDH19 1591	искусств енная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGG AAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACCTGGGCCTTCCACTTTGACTAC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGC GGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAG

				AGGGTCACCATCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGGTTATGATGTACACTGG TATCAGCAGCTTCCAGGAACAGCCCCAACTCCTCATCCATGGTAACAGCAATCGGCCCTCA GGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGG CTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGG GTGTTCCGGCGGAGGGACCAGGTTGACCGTCCTA
1436	VH-VL CDH19 13591	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLGWSVFGGGTRLTVL
1437	CDH19 13591 I2C	искусств енная	aa	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLGWSVFGGGTRLTVLSSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGS GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1438	CDR-H1 CDH19 14299	искусств енная	AA	SYSWS
1439	CDR-H2 CDH19 14299	искусств енная	AA	YIYYSGSTNYNPSLKS

1440	CDR-H3 CDH19 14299	искусств енная	AA	NWAFHFDY
1441	CDR-L1 CDH19 14299	искусств енная	AA	TGSSSNIGTGVDVH
1442	CDR-L2 CDH19 14299	искусств енная	AA	GNSNRPS
1443	CDR-L3 CDH19 14299	искусств енная	AA	QSYDSSLGWV
1444	VH CDH19 14299	искусств енная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCAGGG AAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACCTGGGCCTTCCACTTTGACTAC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGT
1445	VH CDH19 14299	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSS
1446	VL CDH19 14299	искусств енная	nt	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCATCTCC TGCACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGGTTATGATGTACTGGTATCAGCAGCTTCCA GGAACAGCCCCAACTCCTCATCCATGGTAACAGCAATCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGA

				TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGAT GAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGGGTGTTCCGGCGGAGGG ACCAGGTTGACCGTCCTA
1447	VL CDH19 14299	искусств енная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSSLGWFVGGGTRLTVL
1448	VH-VL CDH19 14299	искусств енная	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTAGTTACTCCTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCCAGGG AAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCTATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTC AAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCT GTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGAACCTGGGCCTTCCACTTTGACTAC TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGC GGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAG AGGGTCACCATCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAATATCGGGACAGGTTATGATGTACACTGG TATCAGCAGCTTCCAGGAACAGCCCCAACTCCTCATCCATGGTAACAGCAATCGGCCCTCA GGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCACTGGG CTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGG GTGTTCCGGCGGAGGGACCAGGTTGACCGTCCTA
1449	VH-VL CDH19 14299	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYDSSLGWFVGGGTRLTVL
1450	CDH19 14299	искусств енная	aa	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSGGGGS

	I2C			GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIHGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAI TGLQAEDEADYQCQSYDSSLSGWVFGGGTRLTVLSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGS GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHH
1451	ckCDH19 (1-43) :: FLAG: :ckCDH19 (44-776)	искусств енная	aa	MNCSTFSLVLAALVQLQLCSPTTQIFSAQKTDQSYTTIRRVKRDYKDDDDKGWVWEPLFVTEE ETSTMPMYVGQLKSDLDKEDGSLQYILTGEADSIFFINEHGKIYVRQKLDREKKSFYILRAQ VINRKTRHP IEPDSEFI IKVRDINDHEPQFLDGPYVATVPEMSPEGTSVTQVTATDGDDPSYG NNARLLYS LIQGQPYFSVEPKTGVIRMTSQMDRETKDQYLVVIQAKDMVGQAGAFSATATVTI NLSDVNDNPPKFQQRLYYLVNSEEAPVGT TVGRLLAEDSDIGENAAMNYFIEEDSSDVFGIIT DRETQEGII I LKKRVDYESKRKHSVRVKAVNRYIDDRFLKEGPFEDITIVQISVVDADPPVF TLESYVMEIAEGVVSGSLVGTVSARDLDNDSSVRYSIVQGLHLKRLFSINEHNGTIITTEPL DREKASWHNITVTATETRNEKISEANVYIQVLDVNDHAPEFSKYETFCENAVPGQLIQNI SAVDKDDSAENHRFYFSLAQATNSSHFTVKDNQDNTAGIFTAGSGFSRKEQFYFFLPILILDN GSPPLTSTNTLTVTVCDTEVNTLYCRYGAFLYSIGLSTEALVAVLACLLILLVFFLAIIGI RQQRKTLFSEKVEEFRENIVRYDDEGGGEEDTEAFDISALRTRAVLRTHKPRKKITTEIHSL YRQSLQVGPDSAIRQFISEKLEEANTDPSVPPYDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLSNTSDVD QNYEYLVGWGPPFKQLAGMYTSQRSTRD
1452	huCDH19 (1-43) :: FLAG: :hu (44-141) :: ckCD	искусств енная	aa	MNCYLLLRFMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVKQPVRSHLRVKRDYKDDDDKGWVWNQFFVPEE MNTTSHHIGQLRSDLDNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIQKLDREERSLYILRAQ VIDIATGRAVEPESEFVIKVSINDHEPQFLDGPYVATVPEMSPEGTSVTQVTATDGDDPSYG NNARLLYS LIQGQPYFSVEPKTGVIRMTSQMDRETKDQYLVVIQAKDMVGQAGAFSATATVTI



	H19 (142-776)			NLSDVNDNPPKFQORLYYLVNSEEAPVGTTVGRLLAEDSDIGENAAMNYFIEEDSSDVFGIIT DRETQEGIIILKKRVDYESKRKHSVRVKAVNRYIDDRFLKEGPFEDITIVQISVVDADDEPPVF TLESYVMEIAEGVVSGSLVGTVSARDLDNDDSSVRYSIVQGLHLKRLFSINEHNGTIITTEPL DREKASWHNITVTATETRNPKEISEANVYIQVLDVNDHAPEFSKYETFVCENAVPGQLIQNI SAVDKDDSAENHRFYFSLAQATNSSHFTVKDNQDNTAGIFTAGSGFSRKEQFYFFLPILILDN GSPPLTSTNTLTVTVCDTEVNTLYCRYGAFLYSIGLSTEALVAVLACLLILLVFFLAIIGI RQQRKKTLEFSEKVEEFRENIVRYDDEGGGEEDTEAFDISALRTRAVLRTHKPRKKITTEIHSL YRQSLQVGPDSAIRQFISEKLEEANTDPSVPPYDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLGSNTSDVD QNYEYLVGWGPPFKQLAGMYTSQRSTRD
1453	ckCDH19 (1-43) :: FLAG : ckCDH19 (44-141) :: huCDH19 (142-249) :: ckCDH19 (250-776)	искусственная	aa	MNCSTFLSLVLALVQLQLCSPTTQIFSAQKTDQSYTTIRRVKRDYKDDDDKGWVWEPLFVTEE ETSTMPMYVGQLKSDLDKEDGSLQYILTGEADSIFFINEHGKIYVRQKLDREKKSFYILRAQ VINRKTRHPIDSEFIKVRDINDNEPKFLDEPYEAIVPMSPEGLVIQVTASDADDPSSG NNARLLYSLLQGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDEYWVIIQAKDMIGQPGALSGTTSVLI KLSDVNDNPPKFQORLYYLVNSEEAPVGTTVGRLLAEDSDIGENAAMNYFIEEDSSDVFGIIT DRETQEGIIILKKRVDYESKRKHSVRVKAVNRYIDDRFLKEGPFEDITIVQISVVDADDEPPVF TLESYVMEIAEGVVSGSLVGTVSARDLDNDDSSVRYSIVQGLHLKRLFSINEHNGTIITTEPL DREKASWHNITVTATETRNPKEISEANVYIQVLDVNDHAPEFSKYETFVCENAVPGQLIQNI SAVDKDDSAENHRFYFSLAQATNSSHFTVKDNQDNTAGIFTAGSGFSRKEQFYFFLPILILDN GSPPLTSTNTLTVTVCDTEVNTLYCRYGAFLYSIGLSTEALVAVLACLLILLVFFLAIIGI RQQRKKTLEFSEKVEEFRENIVRYDDEGGGEEDTEAFDISALRTRAVLRTHKPRKKITTEIHSL YRQSLQVGPDSAIRQFISEKLEEANTDPSVPPYDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLGSNTSDVD QNYEYLVGWGPPFKQLAGMYTSQRSTRD

1454	ckCDH19 (1-43) :: FLAG : ckCDH19 (44-249) :: huCDH19 (250-364) :: ckCDH19 (365-776)	искусственная	aa	MNCSTFLSLVLALVQLQLCSPTTQIFSAQKTDQSYTTIRRVKRDYKDDDDKGWVWEPLFVTEE ETSTMPMYVGQLKSDLDKEDGSLQYILTGEGADSIFFINEHGKIYVRQKLDREKKSFYILRAQ VINRKTRHP IEPDSEFI IKVRDINDHEPQFLDGPYVATVPEMSPEGTSVTQVTATDGDDPSYG NNARLLYS LIQGQPYFSVEPKTGVIRMTSQMDRETKDQYLVVIQAKDMVGQAGAFSATATVTI NLSDVNDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGTIMAYDNDIGENAEMDYSIEEDDSQTFDIIT NHETQEGIVILKKKVDFEHQNHYGIRAKVKNHHVPEQLMKYHTEASTTFIKIQVEDVDEPPVF TLESYVMEIAEGVVSGLVGTVSARDLDNDDSSVRYSIVQGLHLKRLFSINEHNGTIITTEPL DREKASWHNITVTATETRNPKEI SEANVYIQVLDVNDHAPEFSKYETFVCENAVPGQLIQNI SAVDKDDSAENHRFYFSLAQATNSSHFTVKDNQDNTAGIFTAGSGFSRKEQFYFFLPILILDN GSPPLTSTNTLTVTVCDTEVNTLYCRYGAFLYSIGLSTEALVAVLACLLILLVFFLAIIGI RQQRKTLFSEKVEEFRENIVRYDDEGGGEEDTEAFDISALRTRAVLRTHKPRKKITTEIHS L YRQSLQVGPDSAI FRQFISEKLEEANTDPSVPPYDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLGSNTSDVD QNYEYLVGWGPPFKQLAGMYTSQRSTRD
1455	ckCDH19 (1-43) :: FLAG : ckCDH19 (44-364) :: huCDH19 (365-463) :: ckCDH19 (469-776)	искусственная	aa	MNCSTFLSLVLALVQLQLCSPTTQIFSAQKTDQSYTTIRRVKRDYKDDDDKGWVWEPLFVTEE ETSTMPMYVGQLKSDLDKEDGSLQYILTGEGADSIFFINEHGKIYVRQKLDREKKSFYILRAQ VINRKTRHP IEPDSEFI IKVRDINDHEPQFLDGPYVATVPEMSPEGTSVTQVTATDGDDPSYG NNARLLYS LIQGQPYFSVEPKTGVIRMTSQMDRETKDQYLVVIQAKDMVGQAGAFSATATVTI NLSDVNDNPPKFQQRLYYLVNVEEAPVGTTVGRLLAEDSDIGENAAMNYFIEEDSSDVFGIIT DRETQEGIIILKKRVDYESKRKHSVRVKAVNRYIDDRFLKEGPFEDITIVQISVVDADDEPPLF LLPYYVFEVFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRSKVFNINDNGTITTSNSLDREIS AWYNLSITATEKYNIEQISSIPLYVQVLNINDHAPEFSKYETFVCENAVPGQLIQNISAVDK DDSAENHRFYFSLAQATNSSHFTVKDNQDNTAGIFTAGSGFSRKEQFYFFLPILILDN GSPPLTSTNTLTVTVCDTEVNTLYCRYGAFLYSIGLSTEALVAVLACLLILLVFFLAIIGIRQQRK

				KTLFSEKVEEFRENIVRYDDEGGGEEDTEAFDISALRTRAVLRTHKPRKKITTEIHSLYRQSL QVGPDSAI FRQFISEKLEEANTDPSVPPYDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLGSNTSDVDQNYEY LVGWGPPFKQLAGMYTSQRSTRD
1456	(1- 43) :: FLAG: :ckCDH19 (4 4- 468) :: huCD H19 (464- 772)	искусств енная	aa	MNCSTFLSLVLALVQLQLCSPTTQIFSAQKTDQSYTTIRRVKRDYKDDDDKGWVWEPLFVTEE ETSTMPMYVGQLKSDLKEDGSLQYILTGEGADSIFFINEHGKIYVRQKLDREKKSFYILRAQ VINRKTRHP IEPDSEFI IKVRDINDHEPQFLDGPYVATVPEMSPEGTSVTQVTATDGDDPSYG NNARLLYSLIQGQPYFSVEPKTG VIRMTSQMDRETKDQYLVVIQAKDMVGQAGAFSATATVTI NLSDVNDNPPKFQORLYLVNSEEAPVGT TVGRLLAEDSDIGENAAMNYFIEEDSSDVFGIIT DRETQEGII I LKKRVDYESKRKHSVRVKAVNRYIDDRFLKEGPFEDITIVQISVVDADPEPPVF TLESYVMEIAEGVVSGSLVGTVSARDLDNDDSSVRYSIVQGLHLKRLFSINEHNGTIIITTEPL DREKASWHNITVTATETRNEKISEANVYIQVLDVNDHAPEFSQYYETYVCENAGSGQVIQTI SAVDRDESIEEHFYFNLSVEDTNSSFTIIDNQDNTAVILTNRTGFNLQEEPVFYISIL IAD NGIPSLTSTNTLTIHVCDGDSGSTQTCQYQELVLSMGFKTEVIAILICIMIIFGFIFLTLG LKQRRKQILFPEKSEDFRENI FQYDDEGGGEEDTEAFDIAELRSSTIMRERKTRKTTSAEIRS LYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLESASVSDQ DESYDYLNELGPRFKRLACMFGSAVQSNN
1457	rhCDH19 (1- 43) :: FLAG: :rhCDH19 (4 4-772)	искусств енная	aa	MNCYLLLFPMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVQQPVGSHLRVKRDYKDDDDKGWVWNQFFVPEE MNTTSHVGRRLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAI EKLDREERSLYILRAQ VIDITGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPKFLDEPYEAI VPEMSPEGTLVIQVTASDADDPSSG NNARLLYSLLQGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQDEYWV I IQAKMIGQPGALSGTTSVLI KLSDVNDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSIGTIMAYDNDIGENAEMDYSIEEDDSQTFDIIT NHETQEGIVILKKKVNFEHQNHYGIRAKVKNHHVDEQLMKYHTEASTTFIKIQVEDVDEPPLF LLPYYIFEIFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRSKVFENIDDNGTITTTNSLDREIS

				AWYNLSITATEKYNIEQISSIPVYVQVLNINDHAPEFSQYYESYVCENAGSGQVIQTI SAVDR DESIEEHFFYFNLSVEDTNSSSFTIIDNQDNTAVILTNRTGFNLQEEPIFYISILIADNGIPS LTSTNTLTIHVCDCCDSSGSTQTCQYQELMLSMGFKTEVIAILICIMVIFGFIFLTLGLKQRR KQILFPEKSEDFRENI FRYDDEGGGEEDTEAFDVAALRSSTIMRERKTRKTTSAEIRSLYRQS LQVGPDSAI FRKFILEKLEEADTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLES AVSDQDES YD YLNELGPRFKRLACMFGSAVQSNN
1458	caCDH19 (1-42) : : FLAG : : caCDH19 (43-770)	искусств енная	aa	QFFVPEEMNKTDYHIGQLRSDLDNGNNSFQYKLLGAGAGSIFVIDERTGDIYAIQKLDREERS LYTLRAQVIDSTTGRAVEPESEFVIRVSDINDNEPKFLDEPYEAI VPEMSPEGTLVIQVTATD ADDPASGNNARLLYSLLQGQPYFSIEPTTG VIRISSKMDRELQDEYWV I IQAKMIGLPGALS GTTSVLIKLSDVNDNKPIFKERLYRLTVSESAPTGTSIGRIMAYDNDIGENAEMDYSIEDDSQ TFDII TNNETQEGIVILKKKVD FEHQNHYLIRANVKNRHVAEHLMEYHVEASTTFVRVQVEDE DEPPVFLLPYLF EILEESPHGSFVGMVSATDPDQRKSPIRYSITRSKVFSIDDNGTIIITNP LDREISAWYNLSITATEKYNVQQISAVPVYVQVLNINDHAPEFSEYYDSYVCENAGSGQVIQTI SAVDRDESVEDHHFFYFNLSVEDTKNSSFIIIDNEDNTAVILTNRTGFSLQEEP VFYISVLIA DNGIPSLTSTNTLTIHICDCDDYGSTQTCRDKDLLLSMGFRTEVILAILISIMIIFGFIFLIL GLKQRRKPTLFPEKGEDFRENI FRYDDEGGGEEDTEAFDIVQLRSSTIMRERKTRKTAAAEIR SLYRQSLQVGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLSGSAVSD QDENYDYLNELGPRFKRLACMFGSAMQSNN
1459	rhCDH19 (1-43) : FLAG : : rhCDH19 (44-)	искусств= венная	aa	MNCYLLLPFMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVQPPVGSHLRVKRDKDDDDKGWVWNQFFVPEE MNTTSHHVGRRLRSDLDNGNNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAI EKLDREERSLYILRAQ VIDITTGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPKFLDEPYEAI VPEMSPEGTLVIQVTATDADDPASG NNARLLYSLLQGQPYFSIEPTTG VIRISSKMDRELQDEYWV I IQAKMIGLPGALSGTTSVLI KLSDVNDNKPIFKERLYRLTVSESAPTGTSIGRIMAYDNDIGENAEMDYSIEDDSQTFDII TN

	141)::caCDH19(141-770)			NETQEGIVILKKKVDFEHQNHYLIRANVKNRHVAEHLMEYHVEASTTFVRVQVEDEDEPPVFL LPYYLFEILEESPHGSFVGMVSATDPDQRKSPIRYSITRSKVFSIDDNGTIITTNPLDREISA WYNLSITATEKYNVQQISAVPVYVQVLNINDHAPEFSEYYDSYVCENAGSGQVIQTI SAVDRD ESVEDHHFYFNLSVEDTKNSSFIIIDNEDNTAVILTNRTGFSLQEEPVFYISVLIADNGIPSL TSTNTLTIHICDCDDYGSTQTCRDKDLLLSMGFRTEVILAILISIMIIFGFIFLILGLKQRRK PTLFPEKGEDFRENIFRYDDEGGGEEDTEAFDIVQLRSSTIMRERKTRKTA AA EIRSLYRQSL QVGPDSAIRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGS LAGSLSSLGSAVSDQDENYDY LNELGPRFKRLACMFGSAMQSNN
1460	rhCDH19(1-43)::FLAG: :rhCDH19(4-65)::caCDH19(65-770)	искусств енная	aa	MNCYLLLPFMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVQQPVGSHLRVKRDYKDDDDKGWVWNQFFVPEE MNTTSHHVGRRLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSIFVIDERTGDIYAIQKLDREERSLYTLRAQ VIDSTTGRAVEPESEFVIRVSDINDNEPKFLDEPYEAIVPEMSPEGTLVIQVTATDADDPASG NNARLLYSLLQGQPYFSIEPTTGVIRISSKMDRELQDEYWVIIQAKDMIGLPGALS GTTSVLI KLSDVNDNKPIFKERLYRLTVSESAPTGT SIGRIMAYDNDIGENAEMDYSIEDDSQTFDIITN NETQEGIVILKKKVDFEHQNHYLIRANVKNRHVAEHLMEYHVEASTTFVRVQVEDEDEPPVFL LPYYLFEILEESPHGSFVGMVSATDPDQRKSPIRYSITRSKVFSIDDNGTIITTNPLDREISA WYNLSITATEKYNVQQISAVPVYVQVLNINDHAPEFSEYYDSYVCENAGSGQVIQTI SAVDRD ESVEDHHFYFNLSVEDTKNSSFIIIDNEDNTAVILTNRTGFSLQEEPVFYISVLIADNGIPSL TSTNTLTIHICDCDDYGSTQTCRDKDLLLSMGFRTEVILAILISIMIIFGFIFLILGLKQRRK PTLFPEKGEDFRENIFRYDDEGGGEEDTEAFDIVQLRSSTIMRERKTRKTA AA EIRSLYRQSL QVGPDSAIRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGS LAGSLSSLGSAVSDQDENYDY LNELGPRFKRLACMFGSAMQSNN
1461	caCDH19(1-43)::FLAG:	искусств енная	aa	MNYCFLLPLMLGIPLIWP CFTASESSKTEVKHQAGSHLRVKRDYKDDDDKGWVWNQFFVPEEM NKTDYHIGQLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAI EKLDREERSLYILRAQV

	:caCDH19 (4-4-87) ::rhCDH19 (89-114) ::caCDH19 (115-770)			IDSTTGRAVEPESEFVIRVSDINDNEPKFLDEPYEAIVPEMSPEGTLVIQVTATDADDPASGN NARLLYSLLQGQPYFSIEPTTGVIRISSKMDRELQDEYWVIIQAKDMIGLPGALSGTTSVLIK LSDVNDNKPIFKERLYRLTVSESAPTGTSGRIMAYDNDIGENAEMDYSIEDDSQTFDIIITNN ETQEGIVILKKKVD FEHQNHYLIRANVKNRHVAEHLMEYHVEASTTFVRVQVEDEDEPPVFLL PYYLFEILEESPHGSFVGMVSATDPDQRKSPIRYSITRSKVFSIDDNGTIIITNPLDREISAW YNLSITATEKYNVQQISAVPVYVQVLNINDHAPEFSEYYDSYVCENAGSGQVIQTI SAVDRDE SVEDHHFYFNLSVEDTKNSSFIIIDNEDNTAVILTNRTGFSLQEEPVFYISVLIADNGIPSLT STNTLTIHICDCDDYGSTQTCRDKDLLLSMGFRTEVILAILISIMIIFGFIFLILGLKQRRKP TLFPEKGEDFRENI FRYDDEGGGEEDTEAFDIVQLRSSTIMRERKTRKTA AA EIRSLYRQSLQ VGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLGSAVSDQDENYDYL NELGPRFKRLACMFGSAMQSNN
1462	caCDH19 (1-43) ::FLAG: :caCDH19 (4-4-120) ::rhCDH19 (122-137) ::caCDH19 (137-770)	искусст- венная	aa	MNYCFLLPLMLGIPLIWPCFTASESSKTEVKHQAGSHLRVKRDYKDDDDKGMWNQFFVPEEM NKTDYHIGQLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSIFVIDERTGDIYAIQKLDREERSLYTLRAQV IDITTTGRAVEPESEFVIKVS DINDNEPKFLDEPYEAIVPEMSPEGTLVIQVTATDADDPASGN NARLLYSLLQGQPYFSIEPTTGVIRISSKMDRELQDEYWVIIQAKDMIGLPGALSGTTSVLIK LSDVNDNKPIFKERLYRLTVSESAPTGTSGRIMAYDNDIGENAEMDYSIEDDSQTFDIIITNN ETQEGIVILKKKVD FEHQNHYLIRANVKNRHVAEHLMEYHVEASTTFVRVQVEDEDEPPVFLL PYYLFEILEESPHGSFVGMVSATDPDQRKSPIRYSITRSKVFSIDDNGTIIITNPLDREISAW YNLSITATEKYNVQQISAVPVYVQVLNINDHAPEFSEYYDSYVCENAGSGQVIQTI SAVDRDE SVEDHHFYFNLSVEDTKNSSFIIIDNEDNTAVILTNRTGFSLQEEPVFYISVLIADNGIPSLT STNTLTIHICDCDDYGSTQTCRDKDLLLSMGFRTEVILAILISIMIIFGFIFLILGLKQRRKP TLFPEKGEDFRENI FRYDDEGGGEEDTEAFDIVQLRSSTIMRERKTRKTA AA EIRSLYRQSLQ VGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLGSAVSDQDENYDYL

				NELGPRFKRLACMFGSAMQSNN
1463	rhCDH19(1-43)::FLAG: :rhCDH19(44-141)::raCDH19(140-247)::rhCDH19(250-772)	искусственная	aa	MNCYLLLPFMLGIPLLWPCLGATENSQTKKVQQPVGSHLRVKRDYKDDDDKGWVWNQFFVPEE MNTTSHHVGRRLRSDLNNGNSFQYKLLGAGAGSTFIIDERTGDIYAIEKLDREERSLYILRAQ VIDITTGRAVEPESEFVIKVSINDNEPRFLDEPYEAIVPEMSPEGTFVIKVTANDADDPTSG YHARILYNLEQGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDTYCVIIQAKDMLGQPGALSGTTTISI KLSDINDNKPIFKESLYRLTVSESAPTGTSGTIMAYDNDIGENAEMDYSIEEDDSQTFDIIT NHETQEGIVILKKKVNFEHQNHYGIRAKVKNHHVDEQLMKYHTEASTTFIKIQVEDVDEPPLF LLPYYIFEIFEETPQGSFVGVVSATDPDNRKSPIRYSITRSKVFNIIDNGTITTTNSLDREIS AWYNLSITATEKYNIEQISSIPVYVQVLNINDHAPEFSQYYESYVCENAGSGQVIQTISAVDR DESIEHHFYFNLSVEDTNSSSFTIIDNQDNTAVILTNRTGFNLQEEPIFYISILIADNGIPS LTSTNTLTIHVCDCCDSGSTQTCQYQELMLSMGFKTEVIAILICIMVIFGFIFLTLGLKQRR KQILFPEKSEDFRENI FRYDDEGGGEEDTEAFDVAALRSSTIMRERKTRKTTSAEIRSLYRQS LQVGPDSAIRKFILEKLEEADTDPCAPPFDSLQTYAFEGTGSLAGSLSSLESASVSDQDES YLNELGPRFKRLACMFGSAVQSNN
1464	raCDH19(1-43)::FLAG: :raCDH19(44-770)	искусственная	aa	MNHYFLKYWILMVPLIWPCLKVAETLKIEKAQRAVPSLGRAKRDYKDDDDKGWVWKQFVVPEE MDTIQHVGRRLRSDLNNGNSFQYKLLGTGDGSFSIDEKTGDI FAMQKLDREKQSLYILRAQVI DTTIGKAVEPESEFVIRVSDVNDNEPRFLDEPYEAIVPEMSPEGTFVIKVTANDADDPTSGYH ARILYNLEQGQPYFSVEPTTGVIRISSKMDRELQDTYCVIIQAKDMLGQPGALSGTTTISIKL SDINDNKPIFKESFYRFTISESAPSGTTIGKIMAYDDDIGENAEMDYSIEDDESQIFDIVIDN ETQEGIVILKKKVDFEHQNHYGIRVKVKNCHVDEELAPAHVNASTTYIKVQVEDEDEPPTFL PYYIFEIPEGKPYGTMVGTSAVDPDRRQSPMRYSLIGSKMFDINGNGTIVTTNLLDREVS AWYNLSVTATETYNVQQISSAHVYVQVLNINDHAPEFSQLYETYVCENAESGEIIQTISAIDRDE SIEDHHFYFNHNSVEDTNSSSFTILTDNQDNTAVILSNRAGFSLKEETVFYMIILIADNGIPPLT

				STNTLTIQVDCGDSRSTETCTSKELLFIMGFKAEAI I AIVICVMVIFGFIFLILALKQRRKE TLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFDIIELRQSTVMRERKPRKSRSAEIRSLYRQSLQ VGPDSAI FRKFILEKLEEANTDSSAPPFDSLQTFAYEGTGSSAGSLSSLGSSVTDQEDDFDYL NDLGPCFKRLANMFGSAVQPDN
1465	(1-43)::FLAG: :muCDH19(44-323)::raCD H19(324-327)::muCD H19(328-770)	искусст- венная	aa	MNYCFLKHWILMIPLLWPCLKVSETLKA EKARRTVPSTWR AKRDYKDDDDKAWVWRPFV VLEE MDDIQCVGKLRSDLDNGNNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLDREKSLYILRAQVI DTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPRFLDEPYEAI VPEMSPEGTFVIKVTANDADDPSTGYH ARILYNLERGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQDTYCVIIQAKDMLGQPGALSGTTT VSIKL SDINDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGENAEMEYSIEDDDSKI FDI I IDN DTQEGIVILKKKVD FEHQNHYGIRAKVKNCHVDEELAPAHVNA STTYIKVQVEDEDEPPV FLL PYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRY YLTGSKMFDINDNGTIIITNMLDREVS AW YNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDNAPEFSQFYETYVCENAESGEIVQI ISAI DRDE SIEDHHFYFNHSL EDTNNS SFMLTDN QDNTAVILSNRTGFNLKEEPVFYMI ILIADNGIPSLT STNTLTIQVDCGDSRNTETCANKGLLFIMGFRTEAI IAIMICVMVIFGFFFLILALKQRRKE TLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFDIVELRQSTVMRERKPKRSKSAEIRSLYRQSLQ VGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYL NDLGPRFKRLASMFGSAVQPNN
1466	muCDH19(1-43)::FLAG: :muCDH19(44-770)::raCD H19(290,29	искусст- венная	aa	MNYCFLKHWILMIPLLWPCLKVSETLKA EKARRTVPSTWR AKRDYKDDDDKAWVWRPFV VLEE MDDIQCVGKLRSDLDNGNNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLDREKSLYILRAQVI DTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPRFLDEPYEAI VPEMSPEGTFVIKVTANDADDPSTGYH ARILYNLERGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQDTYCVIIQAKDMLGQPGALSGTTT VSIKL SDINDNKPIFKESFYRFTISESAPIGTSIGKIMAYDDDIGENAEMEYSIEDDDSKI FDI I IDN DTQEGIVILKKKVD FEQQSYYGIRAKVKNCHVDEELAPAHVNA STTYIKVQVEDEDEPPV FLL



	9,308)			PYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYYL TGSKMFDINDNGTIIITNMLDREVS AW YNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDNAPEFSQFYETYVCENAESGEIVQII SAIDRDE SIEDHHFYFNHSLED TNNSSFMLTDNQDNTAVILSNRTGFNLKEEPVFYMIILIADNGIPSLT STNTLTIQVDCGDSRNTETCANKGLLFIMGFRTEAIIAIMICVMVIFGFFFLILALKQRRKE TLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFDIVELRQSTVMRERKPQRSKSAEIRSLYRQSLQ VGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYL NDLGPRFKRLASMFGSAVQPNN
1467	muCDH19 (1-43) :: FLAG : muCDH19 (44-770) :: huCDH19 (271)	искусст-венная	aa	MNYCFLKHWILMIPLLWPCLKVSETLKA EKARRTVPSTWRAKR DYKDDDDKAWVWRPFV VLEE MDDIQCVGKLRSDLDNGNNSFQYKLLGIGAGSFSINERTGEICAIQKLDRE EKSLYILRAQVI DTTIGKAVETESEFVIRVLDINDNEPRFLDEPYEAI VPEMSPEGTFVIKVTANDADDPSTGYH ARILYNL ERGQPYFSVEPTTG VIRISSKMDRELQD TYCVIIQAKDMLGQPGALSGTTT VSIKL SDINDNKPIFKESFYRFTISESAPTGT SIGKIMAYDDDIGENAEMEYSIEDDDSKIFDIIIDN DTQEGIVILKKKVD FEQQSYGIRAKVKNCHVDEELAPAHV NASTTYIKVQVEDEDEPPV FLL PYYILEIPEGKPYGTIVGTVSATDPDRRQSPMRYYL TGSKMFDINDNGTIIITNMLDREVS AW YNLTVTATETYNVQQISSAHVYVQVFNINDNAPEFSQFYETYVCENAESGEIVQII SAIDRDE SIEDHHFYFNHSLED TNNSSFMLTDNQDNTAVILSNRTGFNLKEEPVFYMIILIADNGIPSLT STNTLTIQVDCGDSRNTETCANKGLLFIMGFRTEAIIAIMICVMVIFGFFFLILALKQRRKE TLFPEKTEDFRENI FCYDDEGGGEEDSEAFDIVELRQSTVMRERKPQRSKSAEIRSLYRQSLQ VGPDSAI FRKFILEKLEEANTDPCAPPFDSLQTFAYEGTGSSAGSLSSLASRDTDQEDDFDYL NDLGPRFKRLASMFGSAVQPNN
1468	VH CDH19 14302 CC x I2C	искусст-венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATT TATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC

				GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1469	VH CDH19 14302 CC x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYAD VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIIGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1470	VL CDH19 14302 CC x I2C	искусст- венная	nt	TCSTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1471	VL CDH19 14302 CC x I2C	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVCGTKLTVL
1472	VH-VL CDH19 14302 CC x I2C	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG

				GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1473	VH-VL CDH19 14302 CC x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSD VKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVL
1474	CDH19 14302 CC x I2C	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSD VKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCSGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1475	CDH19 14302 x F12q0	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWDGSKNYADSD VKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGLVTVSSG

				GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1476	CDH19 14302 CC x F12q0	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNLSKTEDTAVYYCVRHGNFNGNSYVSWWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1477	VH CDH19 21-14302 x I2C	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTGCCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG GAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGAC CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAAGTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1478	VH CDH19 21-14302 x I2C	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGL EWVAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YGGMDVWGQGTTVTVSS
1479	VL CDH19 21-14302 x I2C	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC

				TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1480	VL CDH19 21-14302 x I2C	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVGGGTKLTVL
1481	VH-VL CDH19 21- 14302 x I2C	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTGCCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG GAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGAC CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGTGGCGGAGGA TCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTG TCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATAT ACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAG CGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACC ATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTAAGTGTGAGGCGTGGGAGAGCAGCACT GTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1482	VH-VL CDH19 21- 14302 x I2C	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGL EWVAFIWDGNSNKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESST

				VVFGGGTKLTVL
1483	CDH19 21- 14302 x I2C	искусст- венная	aa	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGL EWWAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YYGMDVWGQTTVTVSSGGGGSGGGSGGGSSYELTQPP SVSVSPGQTASITCSGDRLGEKY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSGSNSGN TATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESST VVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGL EWWARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAY LQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSY ISYWAYWGQTLVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQ EPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTS GNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWY SNRWVFGGGTKLTVLHHHHH
1484	VH CDH19 21-14302 CC x I2C	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTG CCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGG GGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGG TCCGCCAGGCTCCAGGCAAGTGTCTG GAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATA AATACTATGCAGACTCCGTGAAGGAC CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGG GCCGGTATAATAGGA ACTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG GTCACCGTCTCTAGT
1485	VH CDH19 21-14302 CC x I2C	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSL RLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCL EWWAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YYGMDVWGQTTVTVSS
1486	VL CDH19 21-14302 CC x I2C	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTG TCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAG CTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCC CTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC

				TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1487	VL CDH19 21-14302 CC x I2C	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVFGCGTKLTVL
1488	VH-VL CDH19 21- 14302 CC x I2C	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTGCCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGTGTCTG GAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGAC CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGAGGCGGAGGA TCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTG TCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATAT ACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAG CGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACC ATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTAAGTGTGAGGCGTGGGAGAGCAGCACT GTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1489	VH-VL CDH19 21- 14302 CC x I2C	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCL EWVAFIWDGNSNKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YYGMDVWGQGTIVTVSSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESST

				VVFGCGTKLTVL
1490	CDH19 21- 14302 CC x I2C	искусст- венная	aa	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCL EWWAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESST VVFGCGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGL EWWARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSY ISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTS GNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWY SNRWVFGGGTKLTVLHHHHH
1491	CDH19 14302 x I2C-21	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGG EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLR IEDICLPRWGCLWEDDHHHHH
1492	CDH19 14302 CC x I2C-21	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYGGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGCGTKLTVLSGGGG



				EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLRLI EDICLPRWGCLWEDDHHHHHH
1493	VH CDH19 14302 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACCTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1494	VH CDH19 14302 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGT IGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1495	VL CDH19 14302 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATAACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1496	VL CDH19 14302 x	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVGGGTKLTVL

	I2C x FcBY			
1497	VH-VL CDH19 14302 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1498	VH-VL CDH19 14302 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWDGNSKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW SSTVVFGGGTKLTVL
1499	CDH19 14302 x I2C x FcBY	искусст- венная	aa	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWDGNSKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW

				SSTVVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLVSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGSQRFCTGHFGGLHPCNGHHHHHH
1500	VH CDH19 14302 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACCTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1501	VH CDH19 14302 CC x I2C x FcBY	искусств енная	AA	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1502	VL CDH19 14302 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATAACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1503	VL CDH19 14302 CC x	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGCKLTVL

	I2C x FcBY			
1504	VH-VL CDH19 14302 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1505	VH-VL CDH19 14302 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWDGNSNKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWE SSTVVFGCGTKLTVL
1506	CDH19 14302 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	aa	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWDGNSNKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWE

				SSTVVF <sup>Q</sup> GC <sup>Q</sup> TKLTVLSGGGGSEV <sup>Q</sup> LVESGGGLV <sup>Q</sup> PGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVR <sup>Q</sup> APG KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN <sup>Q</sup> NLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQ <sup>Q</sup> TLVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQ <sup>Q</sup> TVVTQEP <sup>Q</sup> SLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWV <sup>Q</sup> QKPG <sup>Q</sup> APRGLIGG <sup>Q</sup> TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL <sup>Q</sup> TL <sup>Q</sup> SGV <sup>Q</sup> PEDEAEYYCV LWYSNRWVFGG <sup>Q</sup> TKLTVLGGGGSQ <sup>Q</sup> R <sup>Q</sup> FCTGHFGLHPCNGHHHHHH
1507	VH CDH19 14303 CC x I2C	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATT <sup>T</sup> TATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1508	VH CDH19 14303 CC x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQ <sup>Q</sup> PRSLRLS <sup>Q</sup> CAASGFTFSSYGMHWVR <sup>Q</sup> APGKCLEWVAFI <sup>Q</sup> WYEGSNKY <sup>Q</sup> YAES VKDRFTISR <sup>Q</sup> DNSKNTLYLQ <sup>Q</sup> MKSLRAEDTAVYYCARRAGI <sup>Q</sup> IGTIG <sup>Q</sup> YYYGMDVWGQ <sup>Q</sup> TTVTVSS
1509	VL CDH19 14303 CC x I2C	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCA <sup>Q</sup> ACTCTGGTAAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATT <sup>Q</sup> CGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1510	VL CDH19 14303 CC x I2C	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPG <sup>Q</sup> TASITCSGDR <sup>Q</sup> LGEKYTSWY <sup>Q</sup> QRPG <sup>Q</sup> SPLLVIY <sup>Q</sup> DTKRPSGIPERFSG SNSGN <sup>Q</sup> TATL <sup>Q</sup> TISGT <sup>Q</sup> AMDEADYYC <sup>Q</sup> AWESSTVVF <sup>Q</sup> GC <sup>Q</sup> TKLTVL

1511	VH-VL CDH19 14303 CC x I2C	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1512	VH-VL CDH19 14303 CC x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWIYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYIYGMVDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVCGTKLTVL
1513	CDH19 14303 CC x I2C	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWIYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYIYGMVDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVCGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL

				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1514	CDH19 14303 F12q0	искusst- венная x	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWEYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNLSKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1515	CDH19 14303 CC F12q0	искusst- венная CC x	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWEYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNLSKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1516	CDH19 14303 I2C-21	искusst- венная x	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWEYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA

				DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLRLI EDICLPRWGCLWEDDHHHHHH
1517	CDH19 14303 СС x I2C-21	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWEYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYICQAWESSTVVFSGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLRLI EDICLPRWGCLWEDDHHHHHH
1518	VH CDH19 14303 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1519	VH CDH19 14303 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWEYEGSNKYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVVSS



1520	VL CDH19 14303 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1521	VL CDH19 14303 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSG SNSGNATLTLISGTQAMDEADYQCQAWESSTVVFVGGGTKLTVL
1522	VH-VL CDH19 14303 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCC CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

1523	VH-VL CDH19 14303 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWIYEGSNKYAESAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW SSTVVFGGGTKLTVL
1524	CDH19 14303 x I2C x FcBY	искусст- венная	aa	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWIYEGSNKYAESAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW SSTVVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDS KNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGT LVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGSQRFCTGHFGGLHPCNGHHHHH
1525	VH CDH19 14303 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATT TATATGGTATGAGGGAAGTAATAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT

1526	VH CDH19 14303 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWIYEGSNKYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1527	VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1528	VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVFGCGTKLTVL
1529	VH-VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAA AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC

				ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1530	VH-VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGRSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWIYEGSNKYA ESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYYGMDVWGQGT T <sub>1</sub> TVSSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAWESSTVVF GCGTKLTVL
1531	CDH19 14303 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	aa	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGRSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWIYEGSNKYA ESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYYGMDVWGQGT T <sub>1</sub> TVSSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNHWVRQAPG KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGGSSQTVVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSL LGGKAALTL SGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGSQRFCTGHFGGLHPCNGHHHHH
1532	VH CDH19 14039 CC x I2C	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT

1533	VH CDH19 14039 CC x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWIYEGSNKYAES VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSS
1534	VL CDH19 14039 CC x I2C	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATAACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACTCTGGTAAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1535	VL CDH19 14039 CC x I2C	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVFGCGTKLTVL
1536	VH-VL CDH19 14039 CC x I2C	искусст- венная	nt	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG

				AGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1537	VH-VL CDH19 14039 CC x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWIYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVL
1538	CDH19 14039 CC x I2C	искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWIYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
1539	CDH19 14039 x F12q0	искусств енная		QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWIYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNLSKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL

1540	CDH19 14039 CC x F12q0	искусств енная		QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWIYEGSNKYIAES VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYICQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMN SLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT CGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1541	VH CDH19 21-14039 x I2C	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTGCCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG GAGTGGGTGGCATT TATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCCGTGAAGGAC CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1542	VH CDH19 21-14039 x I2C	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGL EWVAFIWIYEGSNKYIAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSS
1543	VL CDH19 21-14039 x I2C	искусст- венная	nt	TCSTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAAC TCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC

				СТА
1544	VL CDH19 21-14039 x I2C	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVL
1545	VH-VL CDH19 21- 14039 x I2C	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTGCCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTG GAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCCGTGAAGGAC CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTACCCTCTCTAGTGGTGGCGGAGGA TCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTTCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTG TCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATAT ACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAG CGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACC ATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTIONGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACT GTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1546	VH-VL CDH19 21- 14039 x I2C	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGL EWFVAFIWEYSNKYYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YYGMDVWGQTTVTVSSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESST VVFGGGTKLTVL



1547	CDH19 14039 I2C	21- x	искусст- венная		RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGL EWVAFIWEYSNKYYAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGSSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGKEY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESST VVFGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGL EWWARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSY ISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTS GNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL SGVQPEDEAEYCVLWY SNRWVFGGGTKLTVLHHHHH
1548	VH 21-14039 CC x I2C	CDH19	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTGCCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGTGTCTG GAGTGGGTGGCATT TATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCCGTGAAGGAC CGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1549	VH 21-14039 CC x I2C	CDH19	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCL EWVAFIWEYSNKYYAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSS
1550	VL 21-14039 CC x I2C	CDH19	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCA ACTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC

				TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCC CTA
1551	VL CDH19 21-14039 CC x I2C	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVFGCGTKLTVL
1552	VH-VL CDH19 21- 14039 CC x I2C	искусст- венная	nt	CGGCTGATCGAGGACATCTGCCTGCCAGATGGGGCTGCCTGTGGGAGGACGACCAGGTGCAG TTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG TCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGTGTCTG GAGTGGGTGGCATTATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCCGTGAAGGAC CGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAATAGCCTGAGA GCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACTATAGGCTAC TACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGAGGCGGAGGA TCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTG TCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATAT ACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATAACCAAG CGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCA ACTCTGGTAACACAGCCACTCTGACC ATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTA CTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACT GTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1553	VH-VL CDH19 21- 14039 CC x I2C	искусст- венная	AA	RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCL EWFVAFIWEYSNKYYAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGY YYGMDVWGQTTVTVSSGGGGSGGGGSSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESST VVFVFGCGTKLTVL

1554	CDH19 21- 14039 CC x I2C	искусст- венная		RLIEDICLPRWGCLWEDDQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCL EWVAFIWEYEGSNKYAESVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGKEY TSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESST VVF GCGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGL EWWARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSY ISYWAYWGQGT LVTVSSGGGGSGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTS GNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWY SNRWVFGGGTKLTVLHHHHH
1555	CDH19 14039 x I2C-21	искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWEYEGSNKYAES VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVF GGGTKLTVLSGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGT LVTVSSG GGGSGGGSGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTS GNYPNWVQQKPGQAPRGL IGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLRLI EDICLPRWGCLWEDDHHHHH
1556	CDH19 14039 CC x I2C-21	искусст- венная		QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWEYEGSNKYAES VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGY YYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGKEYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA

				DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLRLI EDICLPRWGCLWEDDHHHHH
1557	VH CDH19 14039 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATTATATGTTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1558	VH CDH19 14039 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGLYPCNGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWEYSNKYYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1559	VL CDH19 14039 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1560	VL CDH19 14039 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVGGGTKLTVL

1561	VH-VL CDH19 14039 x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCAC TTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCATT TATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGT GGCGGAGGATCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGGCGGATCTTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1562	VH-VL CDH19 14039 x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWIYEGSNKYAESA VKDRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW E SSTVVFGGGTKLTVL
1563	CDH19 14039 x I2C x FcBY	искусст- венная		QRFCTGHFGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWIYEGSNKYAESA VKDRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW E SSTVVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNHWVRQAPG

				KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGSQRFCTGHFGGLHPCNGHHHHH
1564	VH CDH19 14039 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCACTTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATTATATGTTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGT
1565	VH CDH19 14039 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGGLYPCNGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWIYEGSNKYAESVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGT IGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1566	VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACC TGCTCTGGAGATAGGTTGGGGGAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCC CCTTTGCTGGTCATCTATCAAGATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGC TCCAACCTCTGGTAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGAC TATTACTGTCAGGCGTGGGAGAGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTC CTA
1567	VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQRPGQSPLLVIYQDKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVFGCGTKLTVL

1568	VH-VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	nt	CAACGTTTCTGTACCGGTCAC TTCGGTGGTCTGTACCCGTGTAATGGTGGTGGTGGTGGTTCG CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCC TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC AAGTGTCTGGAGTGGGTGGCATT TATATGGTATGAGGGAAGTAATAAATACTATGCAGAGTCC GTGAAGGACCGATT CACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAT AGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAAGGGCCGGTATAATAGGAACT ATAGGCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTAGTGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGCGGAGGCTCCTCCTATGAACTGACTCAGCCA CCCTCAGTGTCCGTGTCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAGGTTGGGG GAAAAATATACTAGCTGGTATCAGCAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTTTGCTGGTCATCTATCAA GATACCAAGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACCTCTGGTAACACAGCC ACTCTGACCATCAGCGGGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGAG AGCAGCACTGTGGTATTCGGCTGCGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1569	VH-VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY	искусст- венная	AA	QRFCTGHFGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWIYEGSNKYAESA VKDRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW E SSTVVFGCGTKLTVL
1570	CDH19 14039 CC x I2C x FcBY	искусст- венная		QRFCTGHFGLYPCNGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWIYEGSNKYAESA VKDRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW E SSTVVFGCGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNHWVRQAPG

				KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGSQRFCTGHFGGLHPCNGHHHHHH
1571	CDH19 14302 x I2C-156	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWYDGSNKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG GGGSGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LG EK YTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAWESSTVVF GG GTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLGGG GSGGGSRDWDFDVFGGGTPVGGHHHHHHH
1572	CDH19 14302 x I2C-LFcBY	искусст- венная	aa	QRFVTGHFGGLYPANGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWYDGSNKYYADSVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TVTVSSGGGGSGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAWE SSTVVF GG GTKLTVLSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGSQRFCTGHFGGLHPCNGHHHHHH



1573	CDH19 14302 x I2C-LFcBY- 156	искусст- венная	aa	QRFVVTGHFGGLYPANGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KGLEWVAFIWDGNSKYYADSVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAW E SSTVVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQOKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGS QRFCTGHFGGLHPCNGGGGSGGGSRDWD FDFVFGGGTPVGGHHHHH
1574	CDH19 14302 x I2C-Cys- петля	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGNSKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLGCG GGGCHHHHHH
1575	CDH19 14302 x I2C-HALB	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGNSKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS

				<p>EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA  DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG  GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL  IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG  GGSDAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLI AFAQYLQQCPFEDHVKLVNEVTEFAKTCVADES AE  NCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGEMADCCAKQEPERNECFLQHKDDNP NLPRLVLRPEVDVM  CTAFHDNEETF LKKYLYE IARRHPYFYAPELLFFAKRYKAAFTECCQAADKAAACLLPKLDEL R  DEGKASSAKQRLKCASLQKFGERA FKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLT KVHTECCHGD  LLECADDRADLAKY ICENQDS ISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPADLPSLAADFVES  KDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVLLLLRLAKTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFD  EFKPLVEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCC  KHPEAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPKE  FNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQ TALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKADDK  ETCFAEEGKKLVAASQAALGLDYHHHHHH</p>
1576	CDH19 14302 I2C-GS- D3HSA	x искусст- венная	aa	<p>QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFI WYDGSNKYYADS  VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG  GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ  DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADY YCQAWESSTVVF GGGTKLTVLSGGGGS  EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA  DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG  GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL  IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG  GGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHP</p>

				EAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPKEFNA ETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKKADDKETC FAEEGKKLVAASQAALGLHHHHH
1577	CDH19 14302 x I2C-3GS- D3HSA	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSGGGGSGGGGSEEPQNLIKQNCLEFQELGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLG KVGSKCKHPEAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVD ETYPKEFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEK CKKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGLHHHHH
1578	CDH19 14302 x I2C-GS- D3HSA-156	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG

				GGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCCKHP EAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPKEFNA ETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKADDKETC FAEEGKKLVAASQAALGLGGGGSGGSRDWFDFVFGGGTPVGGHHHHH
1579	CDH19 14302 x I2C-3GS- D3HSA-156	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNHWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSGGGGSGGGGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLG KVGSKCCKHPEAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVD ETYPKEFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEK CKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGLGGGGSGGSRDWFDFVFGGGTPVGGHHHHH
1580	CDH19 14302 x I2C-GS- D3HSA-21	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNHWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL

				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCCKHP EAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPKEFNA ETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKKADDKETC FAEEGKKLVAASQAALGLGGGGSGGGSRLIEDICLPRWGCLWEDDHHHHHH
1581	CDH19 14302 x I2C-3GS- D3HSA-21	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADSD VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGGKTLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSGGGGSGGGGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLG KVGSKCCKHPEAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVD ETYYVPKEFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEK CCKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGLGGGGSGGGSRLIEDICLPRWGCLWEDDHHHHHH
1582	CDR-H1 CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	SYYS
1583	CDR-H2 CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	YIYSGSTNYNPSLKS

1584	CDR-H3 CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	DQRRIAAAGTHFYGMDV
1585	CDR-L1 CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	RASQSVSSSYLA
1586	CDR-L2 CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	GTSSRAT
1587	CDR-L3 CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	QQYGSSPFT
1588	VH CDH19 65231.002	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGCCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGACTCCATCACCTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCCCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGACCAGCGGAGAATCGCCGCTGCC GGCACCCACTTCTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGC
1589	VH CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGLVTVSS
1590	VL CDH19 65231.002	искусст- венная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCACCTCCTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCC

				TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCAGCCCCTTCACCTTCGGCGGAGGCACCAAGGTG GAAATCAAGTCC
1591	VL CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGGGTKVEIKS
1592	VH-VL CDH19 65231.002	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGCCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGACTCCATCACCTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGACCAGCGGAGAATCGCCGCTGCC GGCACCCACTTCTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCC CCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCAGAGCCTCCCAGTCC GTGTCCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATC TACGGCACCTCCTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACC GACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAG TACGGCTCCAGCCCCTTCACCTTCGGCGGAGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1593	VH-VL CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYWVSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI YGTSSRATGIPDRFSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGGGTKVEIKS
1594	CDH19 65231.002	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGDSITSYWVSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGLVTVSSG

	x I2C			GGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI YGTSSRATGIPDRFSGSGGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGGGTKVEIKSGGG GSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTLVTVS SGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLH HHHHH
1595	CDR-H1 CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	SYYS
1596	CDR-H2 CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	YIYYSGSTNYPNPSLKS
1597	CDR-H3 CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	DQRRIAAAGTHFYGMDV
1598	CDR-L1 CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	RASQSVSSSYLA
1599	CDR-L2 CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	GTSSRAT



1600	CDR-L3 CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	QQYGSSPFT
1601	VH CDH19 65231.003	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGCCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCACCTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGACCAGCGGAGAATCGCCGCTGCC GGCACCCACTTCTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGC
1602	VH CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGGSITSYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGLVTVSS
1603	VL CDH19 65231.003	искусст- венная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCACCTCCTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCAGCCCCCTTCACCTTCGGCCAAGGCACCAAGGTG GAAATCAAGTCC
1604	VL CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGQGTKVEIKS
1605	VH-VL CDH19 65231.003	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGCCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCACCTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC

				GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGACCAGCGGAGAATCGCCGCTGCC GGCACCCACTTCTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCC CCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCAGAGCCTCCCAGTCC GTGTCCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATC TACGGCACCTCCTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACC GACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAG TACGGCTCCAGCCCCTTACCTTCGGCCAAGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1606	VH-VL CDH19 65231.003	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGGSITSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI YGTSSRATGIPDRFSGSGSDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGQGTKVEIKS
1607	CDH19 65231.003 x 12C	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLAKPSETLSLTCTVSGGSITSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDQRRIAAAGTHFYGMDVWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI YGTSSRATGIPDRFSGSGSDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFTFGQGTKVEIKSGGG GSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNMLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVS SGGGGSGGGGSGGGGSGTQVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWWQQKPGQAPR GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLH HHHHH
1608	CDR-H1 CDH19	искусст- венная	AA	SYYS

	65234.001			
1609	CDR-H2 CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	YIYYIGSTNYNPSLKS
1610	CDR-H3 CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	DSRYRSGWYDAFDI
1611	CDR-L1 CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	RASQSVAGSYLA
1612	CDR-L2 CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	GASSRAT
1613	CDR-L3 CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	QQYGKSPIT
1614	VH CDH19 65234.001	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCAACTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCCTGTACTACTGCGCCAGAGACTCCCGGTACAGATCCGGGTGG TACGACGCCTTCGACATCTGGGGCCAGGGCACCATGGTCACCGTGTCTCT

1615	VH CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVTVSS
1616	VL CDH19 65234.001	искусст- венная	NT	GATATCGTGCTGACCCAGTCCCCGGCACCCCTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCCTG TCCTGCAGAGCCTCTCAGTCCGTGGCCGGCTCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCTAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCAAGTCCCCCATCACCTTCGGCCAGGGAACCCGGCTG GAAATGAAGTCC
1617	VL CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGRLEMKS
1618	VH-VL CDH19 65234.001	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCAACTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCCTGTACTACTGCGCCAGAGACTCCCGGTACAGATCCGGGTGG TACGACGCCTTCGACATCTGGGGCCAGGGCACCATGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGC TCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCCGATATCGTGCTGACCCAGTCCCCGGCACC CTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGAGAGCCTCTCAGTCCGTGGCCGGC TCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCC TCTTCTAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACC CTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCAAG TCCCCCATCACCTTCGGCCAGGGAACCCGGCTGGAAATGAAGTCC

1619	VH-VL CDH19 65234.001	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLVVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYP KSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSDIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGA SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYKSPITFGQGRLEMKS
1620	CDH19 65234.001 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGGLVVKPSETLSLTCTVSGGSINSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYP KSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARDSRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSDIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGA SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYKSPITFGQGRLEMKSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSKAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSGTQVVTQEPSTLVSPGGTTLTLCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1621	CDR-H1 CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	SYYS
1622	CDR-H2 CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	YIYYIGSTNYPNPSLKS
1623	CDR-H3 CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	ESRYRSGWYDAFDI

1624	CDR-L1 CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	RASQSVAGSYLA
1625	CDR-L2 CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	GASSRAT
1626	CDR-L3 CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	QQYGKSPIT
1627	VH CDH19 65234.004	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCAGCTCCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCCTGTACTACTGCGCCAGAGAGTCCCGGTACAGATCCGGGTGG TACGACGCCTTCGACATCTGGGGCCAGGGCACCATGGTCACCGTGTCTCT
1628	VH CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTALYYCARESRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVTVSS
1629	VL CDH19 65234.004	искусст- венная	NT	GATATCGTGCTGACCCAGTCCCCCGGCACCCTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCTCAGTCCGTGGCCGGCTCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCTAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCAAGTCCCCCATCACCTTCGGCCAGGGAACCCGGCTG GAAATGAAGTCC

1630	VL CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	DIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGRLEMKS
1631	VH-VL CDH19 65234.004	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCAGCTCCTACTACTGGTCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCCTGTACTACTGCGCCAGAGAGTCCCGGTACAGATCCGGGTGG TACGACGCCTTCGACATCTGGGGCCAGGGCACCATGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGC TCTGGCGGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCCGATATCGTGCTGACCCAGTCCCCCGGCACC CTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGTCAGAGCCTCTCAGTCCGTGGCCGGC TCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCC TCTTCTAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCAGCTTACC CTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCAAG TCCCCATCACCTTCGGCCAGGGAACCCGGCTGGAAATGAAGTCC
1632	VH-VL CDH19 65234.004	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVSSGGGG SGGGGSGGGGSDIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGA SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGRLEMKS
1633	CDH19 65234.004 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTALYYCARESRYRSGWYDAFDIWGQGTMTVSSGGGG SGGGGSGGGGSDIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVAGSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGA SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGKSPITFGQGRLEMKSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGLSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD

				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1634	CDR-H1 CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	SYFIH
1635	CDR-H2 CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQKFQG
1636	CDR-H3 CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	GGIQLWLHLDY
1637	CDR-L1 CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1638	CDR-L2 CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1639	CDR-L3 CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	ATYDESMQGWV



1640	VH CDH19 65235.005	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTACATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTCT
1641	VH CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGI INPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMEISSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
1642	VL CDH19 65235.005	искусст- венная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCCTCCGTACCCGGCACACCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTT TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCACCTACGACGAGTCCATGCAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1643	VL CDH19 65235.005	искусст- венная	AA	QSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRPSPGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLS
1644	VH-VL CDH19 65234.005	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTACATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGCTCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCCCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCCTCCGTACCCGGC

				ACACCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCACCTACGACGAGTCCATG CAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1645	VH-VL CDH19 65234.005	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSQYTFSTSYFHHWRQAPGGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTTPGQQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLITYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLS
1646	CDH19 65234.005 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSQYTFSTSYFHHWRQAPGGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTTPGQQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLITYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGLSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDVAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCWLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1647	CDR-H1 CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	SYFIH
1648	CDR-H2 CDH19	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQKFGQ

	65235.002			
1649	CDR-H3 CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	GGIQLWLHLDY
1650	CDR-L1 CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1651	CDR-L2 CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	TNNQRPS
1652	CDR-L3 CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	ATWDDSMNGWV
1653	VH CDH19 65235.002	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTIONTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTCT
1654	VH CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
1655	VL CDH19 65235.002	искусст- венная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCTCCCTCCGTCCACCGGCACACCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCGGC

				ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCATGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1656	VL CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	QSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSPGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLS
1657	VH-VL CDH19 65235.002	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCCCTCTGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCCTCCGTCACCGGC ACACCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGACTCCATG AACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1658	VH-VL CDH19 65235.002	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYFTFSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNO RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLS

1659	CDH19 65235.002 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSQYTFSTSYFIIHWVRQAPGQGLEWMGIIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTTPGQRTVTSVSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDSMNGWVFGGGTKLTVLSSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDVAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1660	CDR-H1 CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	SYFIH
1661	CDR-H2 CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	IINPISVSTSYAQKFGQ
1662	CDR-H3 CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	GGIQLWLHLDY
1663	CDR-L1 CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1664	CDR-L2 CDH19	искусст- венная	AA	TNNQRPS

	65235.003			
1665	CDR-L3 CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	ATWDESMQGWV
1666	VH CDH19 65235.003	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTCATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTCT
1667	VH CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLTVTVSS
1668	VL CDH19 65235.003	искусст- венная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCCTCCGTACCCGGCACACCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAAGTGGTACCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGAGTCCATGCAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1669	VL CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	QSALTQPPSVTGTTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNQRPSPGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLS
1670	VH-VL CDH19 65235.003	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA

				<p>TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTTTCATGGAACCTGTCC  TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG  CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGATCTGGC  GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCCTCCGTCACCGGC  ACACCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC  GTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG  CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC  ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGAGTCCATG  CAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC</p>
1671	VH-VL CDH19 65235.003	искусст- венная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK  FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLS</p>
1672	CDH19 65235.003 x I2C	искусст- венная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK  FQGRVTMTRDTSTSTVFMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSALTQPPSVTGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVL IYTNNQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESMQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE  VQLVESGGGLVQP GGS LKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD  SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG  GGSGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQ QKPGQAPRGLI  GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH  HH</p>

1673	CDR-H1 CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	SYAMN
1674	CDR-H2 CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	TISGGGANTYYADSVKG
1675	CDR-H3 CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	GGMGGYYYYGMDV
1676	CDR-L1 CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	RASQSISSNLA
1677	CDR-L2 CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	GAFTRAT
1678	CDR-L3 CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	QQYNYWPLT
1679	VH CDH19 65236.001	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCCACCATCTCCCGCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGCGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC



				TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1680	VH CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1681	VL CDH19 65236.001	искусст- венная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACACTACTGGCCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1682	VL CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	EIVMTQSPVTLISLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVS GSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1683	VH-VL CDH19 65236.001	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCCGCCGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAAC CTGGCCTGGTTCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACACTACTGGCCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC

1684	VH-VL CDH19 65236.001	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1685	CDH19 65236.001 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAADTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGG SGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1686	CDR-H1 CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	SYAMN
1687	CDR-H2 CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	TISGGGANTYYAESVKG
1688	CDR-H3 CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	GGMGGYYYGMDV
1689	CDR-L1 CDH19	искусст- венная	AA	RASQSISSNLA

	65236.007			
1690	CDR-L2 CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	GAFTRAT
1691	CDR-L3 CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	QQYNYWPLT
1692	VH CDH19 65236.007	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCTCCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGC
1693	VH CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGLVTVSS
1694	VL CDH19 65236.007	искусст- венная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGACCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGGAGCCCGAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1695	VL CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARFS GSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKS

1696	VH-VL CDH19 65236.007	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCTCCGACAACCTCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAAC CTGGCCTGGTTCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGCTCCCTGGAGCCCCGAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1697	VH-VL CDH19 65236.007	искусст- венная	AA	QVQLLES GGGLVQPGGSLRLSCAASGFT FSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTL SLSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1698	CDH19 65236.007 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLLES GGGLVQPGGSLRLSCAASGFT FSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISSDNSKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTL SLSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG

				TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1699	CDR-H1 CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	SYAMN
1700	CDR-H2 CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	TISGGGANTYYADSVKG
1701	CDR-H3 CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	GGMGGYYYYGMDV
1702	CDR-L1 CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	RASQSISSNLA
1703	CDR-L2 CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	GAFTRAT
1704	CDR-L3 CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	QQYNYWPLT
1705	VH CDH19 65236.009	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC

				TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1706	VH CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1707	VL CDH19 65236.009	искусст- венная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAATACTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1708	VL CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVS GSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKS
1709	VH-VL CDH19 65236.009	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGCGACAATACTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAAC CTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAATACTACTGGCCC

				CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1710	VH-VL CDH19 65236.009	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1711	CDH19 65236.009 x 12C	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGG SGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1712	CDR-H1 CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	SYAMN
1713	CDR-H2 CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	TISGGGANTYYADSVKG
1714	CDR-H3 CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	GGMGGYYYGMDV

1715	CDR-L1 CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	RASQSISSNLA
1716	CDR-L2 CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	GAFTRAT
1717	CDR-L3 CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	QQYNYWPLT
1718	VH CDH19 65236.010	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGCGGAGGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1719	VH CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1720	VL CDH19 65236.010	искусст- венная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGGAGCCCAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC



1721	VL CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	EIVMTQSPVTL SLSLGERATL SCRASQSI SSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVSGSGSGTEFTLT ISSLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1722	VH-VL CDH19 65236.010	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCTTGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGCAAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGCGACAACCTCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGCTCCCTGGAGCCCAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACACTACTGGCCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1723	VH-VL CDH19 65236.010	искусст- венная	AA	QVQLLES GGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADSVKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGY YGMDVWGQGT TTVTVSSGGGSGGGSGGGSEIVMTQSPVTL SLSLGERATL SCRASQSI SSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVSGSGSGTEFTLT ISSLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1724	CDH19 65236.010 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLLES GGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADSVKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGY YGMDVWGQGT TTVTVSSGGGSGGGSGGGSEIVMTQSPVTL SLSLGERATL SCRASQSI SSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVSGSGSGTEFTLT ISSLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSV

				KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1725	CDR-H1 CDH19 65236.011	искусст- венная	AA	SYAMN
1726	CDR-H2 CDH19 65236.011	искусст- венная	AA	TISGGGANTYYADSVKG
1727	CDR-H3 CDH19 65236.011	искусст- венная	AA	GGMGGYYYGMDV
1728	CDR-L1 CDH19 65236.011	искусст- венная	AA	RASQSISSNLA
1729	CDR-L2 CDH19 65236.011	искусст- венная	AA	GAFTRAT
1730	CDR-L3 CDH19 65236.011	искусст- венная	AA	QQYNYWPLT
1731	VH CDH19 65236.011	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC

				AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1732	VH CDH19 65236.011	искусств енная	AA	QVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
1733	VL CDH19 65236.011	искусств енная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGACCACCTG TCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGGAGCCCAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1734	VL CDH19 65236.011	искусств енная	AA	EIVMTQSPVTLISLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARFS GSGSGTEFTLTISLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1735	VH-VL CDH19 65236.011	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGACCACCTGTCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAAC CTGGCCTGGTTCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC

				CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCAGTTCACCCTGACC ATCAGCTCCCTGGAGCCCCGAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACACTACTGGCCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1736	VH-VL CDH19 65236.011	искусств енная	AA	QVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGYGGYGGMDVWGQGTITVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKS
1737	CDH19 65236.011 x I2C	искусств енная	AA	QVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGYGGYGGMDVWGQGTITVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGG SGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1738	CDR-H1 CDH19 65236.012	искусств енная	AA	SYAMN
1739	CDR-H2 CDH19 65236.012	искусств енная	AA	TISGGGANTYYAESVKG
1740	CDR-H3 CDH19	искусств енная	AA	GGMGGYGGYGGMDV

	65236.012			
1741	CDR-L1 CDH19 65236.012	искусств енная	AA	RASQSISSNLA
1742	CDR-L2 CDH19 65236.012	искусств енная	AA	GAFTRAT
1743	CDR-L3 CDH19 65236.012	искусств енная	AA	QQYNYWPLT
1744	VH CDH19 65236.012	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1745	VH CDH19 65236.012	искусств енная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1746	VL CDH19 65236.012	искусств енная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTACCCTGACCATCAGCTCCCTGGAGCCCGAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA

				ATCAAGTCC
1747	VL CDH19 65236.012	искусств енная	AA	EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARFS GSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKS
1748	VH-VL CDH19 65236.012	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCAGTCCATCTCCAGCAAC CTGGCCTGGTTCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGCTCCCTGGAGCCCAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1749	VH-VL CDH19 65236.012	искусств енная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGMGGYGYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKS
1750	CDH19 65236.012 x I2C	искусств енная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGMGGYGYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKSGGGGSEVQ

				LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1751	CDR-H1 CDH19 65236.013	искусств енная	AA	SYAMN
1752	CDR-H2 CDH19 65236.013	искусств енная	AA	TISGGGANTYYADSVKG
1753	CDR-H3 CDH19 65236.013	искусств енная	AA	GGMGGYYYGMDV
1754	CDR-L1 CDH19 65236.013	искусств енная	AA	RASQSISSNLA
1755	CDR-L2 CDH19 65236.013	искусств енная	AA	GAFTRAT
1756	CDR-L3 CDH19 65236.013	искусств енная	AA	QQYNYWPLT
1757	VH CDH19	искусств	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT

	65236.013	енная		TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGCGACACCGCCGTGTACTACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1758	VH CDH19 65236.013	искусств енная	AA	QVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAADTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1759	VL CDH19 65236.013	искусств енная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGACCACCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCC GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACCTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1760	VL CDH19 65236.013	искусств енная	AA	EIVMTQSPVTLISLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARVS GSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1761	VH-VL CDH19 65236.013	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGCGACACCGCCGTGTACTACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAAC



				CTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGAGTGTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACACTACTGGCCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1762	VH-VL CDH19 65236.013	искусств енная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAADTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKS
1763	CDH19 65236.013 x I2C	искусств енная	AA	QVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYADS VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAADTAVYYCAKGGMGGYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAF RATGIPARVSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGG SGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1764	CDR-H1 CDH19 65236.014	искусств енная	AA	SYAMN
1765	CDR-H2 CDH19 65236.014	искусств енная	AA	TISGGGANTYYAESVKG
1766	CDR-H3	искусств	AA	GGMGGYYYGMDV

	CDH19 65236.014	енная		
1767	CDR-L1 CDH19 65236.014	искусств енная	AA	RASQSISSNLA
1768	CDR-L2 CDH19 65236.014	искусств енная	AA	GAFTRAT
1769	CDR-L3 CDH19 65236.014	искусств енная	AA	QQYNYWPLT
1770	VH CDH19 65236.014	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGCGACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGC
1771	VH CDH19 65236.014	искусств енная	AA	QVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGGYYYGMDVWGQGLVTVSS
1772	VL CDH19 65236.014	искусств енная	NT	GAGATCGTGATGACCCAGTCCCCGTGACCCTGTCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAACCTGGCCTGGTTCCAGCAGAAGCCCGGCCAG GCCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACCCGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCT GGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGGAGCCCGAGGACTTTGCC

				GTGTACTACTGCCAGCAGTACAACACTACTGGCCCCTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1773	VL CDH19 65236.014	искусств енная	AA	EIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFTRATGIPARFS GSGSGTEFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKS
1774	VH-VL CDH19 65236.014	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCTGGAATCCGGCGGAGGACTGGTGCAGCCTGGCGGCTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGTCCACCATCAGCGGCGGAGGCGCCAACACCTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGCACAACCTCCAAGTCCACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGAGAGCCGAGGACACCGCCGTGTACCACTGTGCTAAGGGCGGCATGGGCGGCTACTAC TACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCCCTCGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCT GGCGGTGGTGGTTCTGGCGGAGGCGGCTCCGAGATCGTGATGACCCAGTCCCCCGTGACCCTG TCCCTGAGCCTGGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCATCTCCAGCAAC CTGGCCTGGTTCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTTTACC CGGGCCACCGGCATCCCTGCCAGATTCTCTGGCTCCGGCTCCGGCACCGAGTTCACCCTGACC ATCAGCTCCCTGGAGCCCAGGACTTTGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACAACACTACTGGCC CTGACCTTCGGAGGCGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1775	VH-VL CDH19 65236.014	искусств енная	AA	QVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGYYGMDVWVGQGLVTVSSGGGGS GGGGSGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFT RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGKVEIKS
1776	CDH19 65236.014 x I2C	искусств енная	AA	QVQLLESGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKLEWVSTISGGGANTYYAES VKGRFTISRDNKSTLYLQMNLSRAEDTAVYHCAKGGMGYYGMDVWVGQGLVTVSSGGGGS GGGGSGGGSEIVMTQSPVTLSSLGERATLSCRASQSISSNLAWFQQKPGQAPRLLIYGAFT

				RATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYNYWPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG SGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1777	CDR-H1 CDH19 65237.001	искусств енная	AA	RYGIH
1778	CDR-H2 CDH19 65237.001	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVKG
1779	CDR-H3 CDH19 65237.001	искусств енная	AA	RAGIPGTTGYYYGMDV
1780	CDR-L1 CDH19 65237.001	искусств енная	AA	SGDRLGEKYVS
1781	CDR-L2 CDH19 65237.001	искусств енная	AA	QDNKWPS
1782	CDR-L3 CDH19 65237.001	искусств енная	AA	QAWDSSTVV

1783	VH CDH19 65237.001	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1784	VH CDH19 65237.001	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1785	VL CDH19 65237.001	искусств енная	NT	TCTTACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACC TGTTCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAATACGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGTCC CCCATCCTGGTCATCTACCAGGACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGC TCCAACCTCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGAC TACTACTGCCAGGCCTGGGACTCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTG CTGTCC
1786	VL CDH19 65237.001	искусств енная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVLS
1787	VH-VL CDH19 65237.001	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC

				CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAATACGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCCCGGCCAGTCCCCCATCCTGGTCATCTACCAG GACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCCAACCTCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAC TCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1788	VH-VL CDH19 65237.001	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGKLTVLS
1789	CDH19 65237.001 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKYSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCWLWYSNRWVFGGKLTVLHHH HHH
1790	CDR-H1 CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	RYGIH
1791	CDR-H2 CDH19	искусств енная	AA	VIWYEGSNKYAESVKG

	65237b.001			
1792	CDR-H3 CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	RAGIPGTTGYYYGMDV
1793	CDR-L1 CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	SGDRLGEKYVS
1794	CDR-L2 CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	QDNKWPS
1795	CDR-L3 CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	QAWESSTVV
1796	VH CDH19 65237b.001	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGGGACAACCTCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1797	VH CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKLEWVAVIWIYEGSNKYAES VKGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQTTVTVSS
1798	VL CDH19 65237b.001	искусств енная	NT	TCTTACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACC TGTTCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAATACGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGTCC

				CCCATCCTGGTCATCTACCAGGACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGC TCCAAC TCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGAC TACTACTGCCAGGCCTGGGAGTCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTG CTGTCC
1799	VL CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLS
1800	VH-VL CDH19 65237b.001	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGTTACCATCTCCCGGGACAAC TCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAATACGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGTCCCCCATCCTGGTCATCTACCAG GACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCCAAC TCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAG TCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1801	VH-VL CDH19 65237b.001	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYAES VKGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLS
1802	CDH19	искусств	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYAES



	65237b.001 x I2C	енная		VKGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMN WVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGGTKLTVLHHH HHH
1803	CDR-H1 CDH19 65237.002	искусств енная	AA	RYGIH
1804	CDR-H2 CDH19 65237.002	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVKG
1805	CDR-H3 CDH19 65237.002	искусств енная	AA	RAGIPGTTGYYYGMDV
1806	CDR-L1 CDH19 65237.002	искусств енная	AA	SGDRLGEKYVS
1807	CDR-L2 CDH19 65237.002	искусств енная	AA	QDNKWPS

1808	CDR-L3 CDH19 65237.002	искусств енная	AA	QAWDSSTVV
1809	VH CDH19 65237.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
1810	VH CDH19 65237.002	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKLEWVAVIWDGSKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTITVTVSS
1811	VL CDH19 65237.002	искусств енная	NT	TCTTACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACC TGTTCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAATACGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGTCC CCCATCCTGGTCATCTACCAGGACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGC TCCAACCTCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGAC TACTACTGCCAGGCCTGGGACTCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTG CTGTCC
1812	VL CDH19 65237.002	искусств енная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYVSWYQQKPGQSPILVIYQDNKWPSGIPERFSG SNSGNATLTLISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVVFGGGTKLTVLS
1813	VH-VL CDH19 65237.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGATACGGCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC

				TCCCTGCGGGCCGAGGACTCCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCCCCGGCACC ACCGGCTACTACTACGGCATGGATGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAATACGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCCCGGCCAGTCCCCCATCCTGGTCATCTACCAG GACAACAAGTGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCCAACCTCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAC TCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1814	VH-VL CDH19 65237.002	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSNKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGKLTVLS
1815	CDH19 65237.002 x 12C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSNKYYADS VKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDSAVYYCARRAGIPGTTGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKEYVSWYQQKPGQSPILVIYQ DNKWPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFSGGKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGKLTVLHHH HHH
1816	CDR-H1 CDH19	искусств енная	AA	SSGYYWS

	65238.002			
1817	CDR-H2 CDH19 65238.002	искусств енная	AA	YIYYTGSAYYNPSLKS
1818	CDR-H3 CDH19 65238.002	искусств енная	AA	DGSSGWYFQY
1819	CDR-L1 CDH19 65238.002	искусств енная	AA	RASRQISSSYLA
1820	CDR-L2 CDH19 65238.002	искусств енная	AA	GPSSRAT
1821	CDR-L3 CDH19 65238.002	искусств енная	AA	QQYGSSFT
1822	VH CDH19 65238.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACCCTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCC CCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACACCGGCTCCGCCTACTACAACCC AGCCTGAAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTG TCCTCCGTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTA TACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCAGCGGCTGG TACTTCCAGTACTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTAGC
1823	VH CDH19	искусств	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGSAYYNP

	65238.002	енная		SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGTLVTVSS
1824	VL CDH19 65238.002	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCGGCACCCCTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCCGGGCCTCCCGGCAGATCTCCTCCAGCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCCCTAGCTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTTCACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAC ATCAAGTCC
1825	VL CDH19 65238.002	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSTFTFGQGTKVDIKS
1826	VH-VL CDH19 65238.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACCCTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCC CCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACACCGGCTCCGCCTACTACAACCC AGCCTGAAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTG TCCTCCGTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCAGCGGCTGG TACTTCCAGTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCGGCACCCCTGTCT CTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCCGGGCCTCCCGGCAGATCTCCTCCAGCTAC CTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCCCTAGCTCC AGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACC ATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTTC ACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGACATCAAGTCC
1827	VH-VL CDH19	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYTGSAYYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGTLVTVSSGGGGSG

	65238.002			GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKS
1828	CDH19 65238.002 x I2C	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKLEWIGYIYYTGSAYYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGQGTKVDIKSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGS GGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGT KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1829	CDR-H1 CDH19 65238.004	искусств енная	AA	SSGYYS
1830	CDR-H2 CDH19 65238.004	искусств енная	AA	YIYYTGSAYYNPSLKS
1831	CDR-H3 CDH19 65238.004	искусств енная	AA	DGSSGWYFQY
1832	CDR-L1 CDH19 65238.004	искусств енная	AA	RASRQISSSYLA
1833	CDR-L2	искусств	AA	GPSSRAT

	CDH19 65238.004	енная		
1834	CDR-L3 CDH19 65238.004	искусств енная	AA	QQYGSSFT
1835	VH CDH19 65238.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACCCTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCC CCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACACCGGCTCCGCCTACTACAACCCC AGCCTGAAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTG TCCTCCGTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTAATACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCAGCGGCTGG TACTTCCAGTACTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTAGC
1836	VH CDH19 65238.004	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYTGSAYYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSS
1837	VL CDH19 65238.004	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCCGGCACCCTGTCTCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCTG TCCTGCCGGGCCTCCCGGCAGATCTCCTCCAGCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCCCTAGCTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTACCCTGACCATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTTACCTTCGGCCCTGGCACCAAGGTGGAC ATCAAGTCC
1838	VL CDH19 65238.004	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASRQISSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPPSSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKS
1839	VH-VL CDH19	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACCCTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCC

	65238.004			<p>CCCGCAAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACACCGGCTCCGCCTACTACAACCC  AGCCTGAAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTG  TCCTCCGTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCAGCGGCTGG  TACTTCCAGTACTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT  GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCGGCACCCCTGTCT  CTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCGGGCCTCCCGGCAGATCTCCTCCAGCTAC  CTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCCCTAGCTCC  AGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACC  ATCAGCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCCGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTTC  ACCTTCGGCCCTGGCACCAAGGTGGACATCAAGTCC</p>
1840	VH-VL CDH19 65238.004	искусств енная	AA	<p>QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYTGSAYYNP  SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASRQISSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSS  RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKS</p>
1841	CDH19 65238.004 x I2C	искусств енная	AA	<p>QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSSGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYTGSAYYNP  SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGSSGWYFQYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASRQISSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGPSS  RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQL  VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK  DRFTISRDDSKNTAYLQMNLIKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGT  KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH</p>
1842	CDR-H1	искусств	AA	SYDMH



	CDH19 65240.002	енная		
1843	CDR-H2 CDH19 65240.002	искусств енная	AA	VISYDGTNEYADSVKG
1844	CDR-H3 CDH19 65240.002	искусств енная	AA	ERYFDWSFDY
1845	CDR-L1 CDH19 65240.002	искусств енная	AA	RASQSVSNTYLA
1846	CDR-L2 CDH19 65240.002	искусств енная	AA	GASSRAT
1847	CDR-L3 CDH19 65240.002	искусств енная	AA	QQYSNSWT
1848	VH CDH19 65240.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGACGGCACCAACGAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGC

1849	VH CDH19 65240.002	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS ADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSS
1850	VL CDH19 65240.002	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGCGCCCTGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCACCCTGACCATCTCCAGCCTGGAACCCGAGGATTC GCTGTGTA CTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACCTTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1851	VL CDH19 65240.002	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQORPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISILEPEDFAVYYCQYNSNSWTFGQGTKVEIKS
1852	VH-VL CDH19 65240.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCTACGACGGCACCAACGAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGCGCCCTGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCACCCTGACCATC TCCAGCCTGGAACCCGAGGATTCGCTGTGTA CTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACC TTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1853	VH-VL	искусств	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS ADSVKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSS

	CDH19 65240.002	енная		VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKS
1854	CDH19 65240.002 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTNEYYS VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1855	CDR-H1 CDH19 65240.003	искусств енная	AA	SYDMH
1856	CDR-H2 CDH19 65240.003	искусств енная	AA	VISYEGTNEYEAESVKG
1857	CDR-H3 CDH19 65240.003	искусств енная	AA	ERYFDWSFDY
1858	CDR-L1 CDH19 65240.003	искусств енная	AA	RASQSVSNTYLA

1859	CDR-L2 CDH19 65240.003	искусств енная	AA	GASSRAT
1860	CDR-L3 CDH19 65240.003	искусств енная	AA	QQYSNSWT
1861	VH CDH19 65240.003	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGAGGGCACCAACGAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGTTACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGC
1862	VH CDH19 65240.003	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKLEWVAVISYEGTNEYEAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSS
1863	VL CDH19 65240.003	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGCGCCCTGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTACCCTGACCATCTCCAGCCTGGAACCCGAGGATTTCC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACCTTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1864	VL CDH19 65240.003	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFLTLISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKS
1865	VH-VL	искусств	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT

	CDH19 65240.003	енная		TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGAGGGCACCAACGAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGCGCCCTGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCACCCTGACCATC TCCAGCCTGGAACCCGAGGATTTGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACC TTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1866	VH-VL CDH19 65240.003	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYEAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKS
1867	CDH19 65240.003 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYEAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFNGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH

1868	CDR-H1 CDH19 65240.004	искусств енная	AA	SYDMH
1869	CDR-H2 CDH19 65240.004	искусств енная	AA	VISYEGTNEYAESVKG
1870	CDR-H3 CDH19 65240.004	искусств енная	AA	ERYFDWSFDY
1871	CDR-L1 CDH19 65240.004	искусств енная	AA	RASQSVSNTYLA
1872	CDR-L2 CDH19 65240.004	искусств енная	AA	GASSRAT
1873	CDR-L3 CDH19 65240.004	искусств енная	AA	QQYSNSWT
1874	VH CDH19 65240.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGAGGGCACCAACGAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGGTTCCACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC

				TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGC
1875	VH CDH19 65240.004	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPFGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSS
1876	VL CDH19 65240.004	искусств енная	NT	GAGATCGTGTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCTGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCACCCTGACCATCTCCAGCCTGGAACCCGAGGATTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACCTTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1877	VL CDH19 65240.004	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISLSEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKS
1878	VH-VL CDH19 65240.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGAGGGCACCAACGAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGTCCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAAGCCTGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCACCCTGACCATC TCCAGCCTGGAACCCGAGGATTTGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACC TTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC

1879	VH-VL CDH19 65240.004	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYEAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKS
1880	CDH19 65240.004 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYEAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVSVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSNTYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNHWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTVQEPSTLVSPGGTVTLTLCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1881	CDR-H1 CDH19 65240.005	искусств енная	AA	SYDMH
1882	CDR-H2 CDH19 65240.005	искусств енная	AA	VISYEGTNEYEAESVKG
1883	CDR-H3 CDH19 65240.005	искусств енная	AA	ERYFDWSFDY
1884	CDR-L1 CDH19	искусств енная	AA	RASQSVSNTYLA



	65240.005			
1885	CDR-L2 CDH19 65240.005	искусств енная	AA	GASSRAT
1886	CDR-L3 CDH19 65240.005	искусств енная	AA	QQYSNSWT
1887	VH CDH19 65240.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGAGGGCACCAACGAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGACCGTGTCTAGC
1888	VH CDH19 65240.005	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVTVSS
1889	VL CDH19 65240.005	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCTGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCACCCTGACCATCTCCAGCCTGGAACCCGAGGATTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCCTGGACCTTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
1890	VL CDH19 65240.005	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKS

1891	VH-VL CDH19 65240.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGACATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATCTCCTACGAGGGCACCAACGAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGGCCGTTTACCATCTCCCGGGACACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGCGGTACTTCGACTGGTCC TTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTGACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTTGCCGGGCCTCCCAGTCCGTGTCCAACACCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAAGCCTGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCTGGCACCGACTTCACCCTGACCATC TCCAGCCTGGAACCCGAGGATTTGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACTCCAACCTCTGGACC TTCGGACAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1892	VH-VL CDH19 65240.005	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYEAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISILEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKS
1893	CDH19 65240.005 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYDMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGTNEYEAES VKGRFTISRDTSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARERYFDWSFDYWGQGLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSNLYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISILEPEDFAVYYCQQYSNSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTK

				FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1894	CDR-H1 CDH19 65246.004	искусств енная	AA	SYFIH
1895	CDR-H2 CDH19 65246.004	искусств енная	AA	IINPISVSTSYAQKFQG
1896	CDR-H3 CDH19 65246.004	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY
1897	CDR-L1 CDH19 65246.004	искусств енная	AA	SGSSSNIGSNFVN
1898	CDR-L2 CDH19 65246.004	искусств енная	AA	TNNQRPS
1899	CDR-L3 CDH19 65246.004	искусств енная	AA	ATWDESLOGWV
1900	VH CDH19 65246.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTACATGGAAGTGTCC

				TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1901	VH CDH19 65246.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSS
1902	VL CDH19 65246.004	искусств енная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCTGCCACCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCCGGC ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGAGTCCCTGCAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1903	VL CDH19 65246.004	искусств енная	AA	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLITYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDESLQGWVFGGGTKLTVLS
1904	VH-VL CDH19 65246.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTACATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCTGCCACCGGC ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAACCTC GTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCACCTGGGACGAGTCCCTG

				CAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1905	VH-VL CDH19 65246.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCVSGYTFTSYFIHWVRQAPGGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMEISSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNO RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCATWDESLOGWVFGGGTKLTVLS
1906	CDH19 65246.004 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCVSGYTFTSYFIHWVRQAPGGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMEISSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNO RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCATWDESLOGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1907	CDR-H1 CDH19 65247.004	искусств енная	AA	SYFIH
1908	CDR-H2 CDH19 65247.004	искусств енная	AA	IINPISVSTSYAQKFGQ
1909	CDR-H3 CDH19 65247.004	искусств енная	AA	GGIQLWLHLDY

1910	CDR-L1 CDH19 65247.004	искусств енная	AA	SGSSSNIGSNFVN
1911	CDR-L2 CDH19 65247.004	искусств енная	AA	TNNQRPS
1912	CDR-L3 CDH19 65247.004	искусств енная	AA	ATYDESMQGWV
1913	VH CDH19 65247.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGCGGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTACATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTCT
1914	VH CDH19 65247.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSKVSGYTFSTYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSS
1915	VL CDH19 65247.004	искусств енная	NT	CAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCCGCTACCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCACCTACGACGAGTCCATGCAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC

1916	VL CDH19 65247.004	искусств енная	AA	QSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLS
1917	VH-VL CDH19 65247.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGCGGGTGTCC TGCAAGGTGTCCGGCTACACCTTCACCAGCTACTTCATCCACTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCTATCTCCGTGTCCACCTCCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGGGACACCTCCACCTCCACCGTGTACATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACCTGGACTATTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTCTGGTGGCGGAGGATCTGGC GGAGGTGGAAGCGGAGGCGGCGGATCTCAGTCTGCCCTGACCCAGCCTCCTTCCGCTACCGGC ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCTCCTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTACCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGGTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCCGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCACCTACGACGAGTCCATG CAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGTCTGTCC
1918	VH-VL CDH19 65247.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLS
1919	CDH19 65247.004 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCVSGYTFSTSYFIHWVRQAPGQGLEWMGIINPISVSTSYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHLDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSALTQPPSATGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKVLIIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCATYDESMQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD

				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1920	CDR-H1 CDH19 65249.002	искусств енная	AA	GYYS
1921	CDR-H2 CDH19 65249.002	искусств енная	AA	YIYYIGSTNYPNLSLKS
1922	CDR-H3 CDH19 65249.002	искусств енная	AA	DGSSGWYRWFDP
1923	CDR-L1 CDH19 65249.002	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
1924	CDR-L2 CDH19 65249.002	искусств енная	AA	GASSRAT
1925	CDR-L3 CDH19 65249.002	искусств енная	AA	QQYGN SPLT
1926	VH CDH19	искусств	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC



	65249.002	енная		TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATGTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCTCCGGCTGGTATCGT TGGTTCGACCCTTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTAGC
1927	VH CDH19 65249.002	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLVTVSS
1928	VL CDH19 65249.002	искусств енная	NT	GAGATCGTGTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTTCGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTACCCTGACCATCTCCCGGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTACTGCCAGCAGTACGGCAACAGCCCCCTGACCTTCGGCCAAGGCACCAAGGTG GAAATCAAGTCC
1929	VL CDH19 65249.002	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI FGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGQGTKVEIKS
1930	VH-VL CDH19 65249.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCGGCTACTACTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACATCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATGTCCGTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGATGGCTCCTCCGGCTGGTATCGT TGGTTCGACCCTTGGGGCCAGGGCACCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCC CTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTAC

				CTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCCCTCGGCTGCTGATCTTCGGCGCCTCTTCC AGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACC ATCTCCCGGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTACTGCCAGCAGTACGGCAACAGCCCC CTGACCTTCGGCCAAGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
1931	VH-VL CDH19 65249.002	искусств енная	AA	QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGQGTKVEIKS
1932	CDH19 65249.002 x I2C	искусств енная	AA	QVQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISGYYSWIRQPPGKGLEWIGYIYYIGSTNYNPSL KSRVTMSVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDGSSGWYRWFDPWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGN SPLTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSV KDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
1933	CDR-H1 CDH19 65250.003	искусств енная	AA	SYYS
1934	CDR-H2 CDH19 65250.003	искусств енная	AA	IIHPSGGDTTYAQKFQG
1935	CDR-H3	искусств	AA	GGIKLWLHFDY

	CDH19 65250.003	енная		
1936	CDR-L1 CDH19 65250.003	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1937	CDR-L2 CDH19 65250.003	искусств енная	AA	TNNQRPS
1938	CDR-L3 CDH19 65250.003	искусств енная	AA	AVYDDSLNGWV
1939	VH CDH19 65250.003	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1940	VH CDH19 65250.003	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLVLFHFDYWGQGLVTVSS
1941	VL CDH19 65250.003	искусств енная	NT	CAGTCCGTGCTGACCCAGCCTCCTTCCGCCTCCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAAGTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG

				GCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGACTCCCTGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1942	VL CDH19 65250.003	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVLS
1943	VH-VL CDH19 65250.003	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCCGTGCTGACCCAGCCTCCTTCCGCCTCCGGC ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGACTCCCTG AACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1944	VH-VL CDH19 65250.003	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSED TAVYYCARGGIK LWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVLS
1945	CDH19 65250.003 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSED TAVYYCARGGIK LWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ

				RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVYDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1946	CDR-H1 CDH19 65250.004	искусств енная	AA	SYYMS
1947	CDR-H2 CDH19 65250.004	искусств енная	AA	IIHPSGGDTTYAQKFQG
1948	CDR-H3 CDH19 65250.004	искусств енная	AA	GGIKLWLHFDY
1949	CDR-L1 CDH19 65250.004	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1950	CDR-L2 CDH19 65250.004	искусств енная	AA	TNNQRPS
1951	CDR-L3 CDH19	искусств енная	AA	AVYDESLQGWV

	65250.004			
1952	VH CDH19 65250.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1953	VH CDH19 65250.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIKLWLFHDYWGQGLVTVSS
1954	VL CDH19 65250.004	искусств енная	NT	CAGTCCGTGCTGACCCAGCCTCCTTCCGCCTCCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTGCAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1955	VL CDH19 65250.004	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLS
1956	VH-VL CDH19 65250.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT

				GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCCGTGCTGACCCAGCCTCCTTCCGCCTCCGGC ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACTTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCAGCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTG CAGGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1957	VH-VL CDH19 65250.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTSYMSWVRQAPQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLLWLFHDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRTVISCGRSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLS
1958	CDH19 65250.004 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTSYMSWVRQAPQGLEWMGI IHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTGDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLLWLFHDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRTVISCGRSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDVAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1959	CDR-H1 CDH19 65250.005	искусств енная	AA	SYYS
1960	CDR-H2	искусств	AA	I IHPSGGDTTYAQKFGG

	CDH19 65250.005	енная		
1961	CDR-H3 CDH19 65250.005	искусств енная	AA	GGIKLWLHFDY
1962	CDR-L1 CDH19 65250.005	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1963	CDR-L2 CDH19 65250.005	искусств енная	AA	TNNQRPS
1964	CDR-L3 CDH19 65250.005	искусств енная	AA	AVYDESLQGWV
1965	VH CDH19 65250.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1966	VH CDH19 65250.005	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFSTSYMSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLWLHFDYWGQGLVTVSS
1967	VL CDH19	искусств	NT	CAGTCCGTGCTGACCCAGCCTCCTTCCGCCTCCGGCACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCC



	65250.005	енная		TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTGCAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1968	VL CDH19 65250.005	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLS
1969	VH-VL CDH19 65250.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAGCTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCCACCCCTCTGGCGGCGACACCACCTACGCCAGAAA TTCCAGGGCAGAGTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCAAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCCGTGCTGACCCAGCCTCCTTCCGCCTCCGGC ACCCCTGGCCAGCGCGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACAACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTG CAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1970	VH-VL CDH19 65250.005	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSTSYMSWVRQAPGQGLEWMGI IHPSSGDDTTYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMEISSLRSEDYAVYYCARGGIKLVLFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLS

1971	CDH19 65250.005 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYSWVRQAPGQGLEWMGIIHPSGGDTTYAQK FQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIKLVLFHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDVAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1972	CDR-H1 CDH19 65251.002	искусств енная	AA	NYYS
1973	CDR-H2 CDH19 65251.002	искусств енная	AA	IINPSGGDSTYAQKFQG
1974	CDR-H3 CDH19 65251.002	искусств енная	AA	GGIQLVLFHFDY
1975	CDR-L1 CDH19 65251.002	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1976	CDR-L2 CDH19	искусств енная	AA	TNYQRPS

	65251.002			
1977	CDR-L3 CDH19 65251.002	искусств енная	AA	AVWDESLNGWV
1978	VH CDH19 65251.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
1979	VH CDH19 65251.002	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGRLTMTGDTSTSTVYMEISSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSS
1980	VL CDH19 65251.002	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTT TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTGAACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1981	VL CDH19 65251.002	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLS
1982	VH-VL CDH19 65251.002	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG

				<p>TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAACCTGTCC  TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG  CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT  GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGC  ACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC  GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG  CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC  ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTG  AACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGTCTGTCC</p>
1983	VH-VL CDH19 65251.002	искусств енная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK  FQGRLTMTGDTSTSTVYMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTN YQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADY YCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLS</p>
1984	CDH19 65251.002 x I2C	искусств енная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK  FQGRLTMTGDTSTSTVYMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTN YQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADY YCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE  VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD  SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG  GGSGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQ QKPGQAPRGLI  GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH  HH</p>
1985	CDR-H1	искусств	AA	<p>NY YMS</p>

	CDH19 65251.003	енная		
1986	CDR-H2 CDH19 65251.003	искусств енная	AA	IINPSGGDSTYAQKFQG
1987	CDR-H3 CDH19 65251.003	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY
1988	CDR-L1 CDH19 65251.003	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
1989	CDR-L2 CDH19 65251.003	искусств енная	AA	TNYQRPS
1990	CDR-L3 CDH19 65251.003	искусств енная	AA	AVWDESLQGWV
1991	VH CDH19 65251.003	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC

1992	VH CDH19 65251.003	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGR L TMTGDTSTSTVY MELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
1993	VL CDH19 65251.003	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTGCAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
1994	VL CDH19 65251.003	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLQGWVFGGGTKLTVLS
1995	VH-VL CDH19 65251.003	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGC ACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTG CAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
1996	VH-VL	искусств	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK

	CDH19 65251.003	енная		FQGR <sub>L</sub> TMTGDTSTSTVYME <sub>L</sub> SSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAI SGLQSEDEADYYCAVWDESLQGWVFGGGTKLTVLS
1997	CDH19 65251.003 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCASRYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGR <sub>L</sub> TMTGDTSTSTVYME <sub>L</sub> SSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAI SGLQSEDEADYYCAVWDESLQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN <sub>N</sub> LKTEDTAVYYCVRHG <sub>N</sub> FGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP <sub>S</sub> LTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL <sub>T</sub> LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
1998	CDR-H1 CDH19 65251.004	искусств енная	AA	NYYMS
1999	CDR-H2 CDH19 65251.004	искусств енная	AA	I INPSGGDSTYAQKFQG
2000	CDR-H3 CDH19 65251.004	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY
2001	CDR-L1 CDH19	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN

	65251.004			
2002	CDR-L2 CDH19 65251.004	искусств енная	AA	TNYQRPS
2003	CDR-L3 CDH19 65251.004	искусств енная	AA	AVYDESLQGWV
2004	VH CDH19 65251.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2005	VH CDH19 65251.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASRYTFTNYYSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGR L T M T G D T S T S T V Y M E L S S L R S E D T A V Y Y C A R G G I Q L W L H F D Y W G Q G T L V T V S S
2006	VL CDH19 65251.004	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTGCAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGTCTCC
2007	VL CDH19 65251.004	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLS



2008	VH-VL CDH19 65251.004	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCCCGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCGGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGC ACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTG CAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGTGTCC
2009	VH-VL CDH19 65251.004	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQRLTMTGDTSTSTVYME LSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDES LQGWVFGGGTKLTVLS
2010	CDH19 65251.004 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASRYTFTNYYMSWVRQAPGGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQRLTMTGDTSTSTVYME LSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDES LQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN LKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG GGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI

				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
2011	CDR-H1 CDH19 65251.005	искусств енная	AA	NYYMS
2012	CDR-H2 CDH19 65251.005	искусств енная	AA	IINPSGGDSTYAQKFQG
2013	CDR-H3 CDH19 65251.005	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY
2014	CDR-L1 CDH19 65251.005	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
2015	CDR-L2 CDH19 65251.005	искусств енная	AA	TNYQRPS
2016	CDR-L3 CDH19 65251.005	искусств енная	AA	AVWDDSLNGWV
2017	VH CDH19 65251.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG

				TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2018	VH CDH19 65251.005	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGRLTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
2019	VL CDH19 65251.005	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTT TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGACTCCCTGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
2020	VL CDH19 65251.005	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLS
2021	VH-VL CDH19 65251.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTCCGCCTCTGGC ACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC

				ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGACTCCCTG AACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
2022	VH-VL CDH19 65251.005	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGRLTMRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLS
2023	CDH19 65251.005 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGRLTMRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDVAVYYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
2024	CDR-H1 CDH19 65251.006	искусств енная	AA	NYYS
2025	CDR-H2 CDH19 65251.006	искусств енная	AA	IINPSGGDSTYAQKFQG
2026	CDR-H3 CDH19	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY

	65251.006			
2027	CDR-L1 CDH19 65251.006	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
2028	CDR-L2 CDH19 65251.006	искусств енная	AA	TNYQRPS
2029	CDR-L3 CDH19 65251.006	искусств енная	AA	AVWDESLNGWV
2030	VH CDH19 65251.006	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2031	VH CDH19 65251.006	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYMYSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGR LTMTRDTSTSTVYME LSSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
2032	VL CDH19 65251.006	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTGAACGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC

				AAGCTGACCGTGCTGTCC
2033	VL CDH19 65251.006	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLS
2034	VH-VL CDH19 65251.006	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTCCGCCTCTGGC ACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTG AACGGCTGGGTGTTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGTCTGTCC
2035	VH-VL CDH19 65251.006	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGRLTMTRDTSTSTVYMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLS
2036	CDH19 65251.006 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGRLTMTRDTSTSTVYMELSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLNGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE

				VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSTLVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
2037	CDR-H1 CDH19 65251.007	искусств енная	AA	NYYMS
2038	CDR-H2 CDH19 65251.007	искусств енная	AA	IINPSGGDSTYAQKFQG
2039	CDR-H3 CDH19 65251.007	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY
2040	CDR-L1 CDH19 65251.007	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
2041	CDR-L2 CDH19 65251.007	искусств енная	AA	TNYQRPS
2042	CDR-L3 CDH19 65251.007	искусств енная	AA	AVWDESLQGWV

2043	VH CDH19 65251.007	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2044	VH CDH19 65251.007	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGRLTMRDSTSTSTVYMEISSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
2045	VL CDH19 65251.007	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCC TCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAG GCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTGCAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
2046	VL CDH19 65251.007	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSGVPDRF SGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDESLQGWVFGGGTKLTVLS
2047	VH-VL CDH19 65251.007	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGC



				<p>ACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC  GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG  CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC  ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTGGGACGAGTCCCTG  CAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC</p>
2048	VH-VL CDH19 65251.007	искусств енная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK  FQRLTMTRDTSTSTVYME LSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDES LQGWVFGGGTKLTVLS</p>
2049	CDH19 65251.007 x I2C	искусств енная	AA	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKV SCKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK  FQRLTMTRDTSTSTVYME LSSLRSED TAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG  GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ  RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDES LQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE  VQLVESGGGLVQP GGS LKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYAD  SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGG  GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLI  GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH  HH</p>
2050	CDR-H1 CDH19 65251.008	искусств енная	AA	<p>NYYS</p>
2051	CDR-H2 CDH19	искусств енная	AA	<p>IINPSGGDSTYAQKFQG</p>

	65251.008			
2052	CDR-H3 CDH19 65251.008	искусств енная	AA	GGIQLWLHFDY
2053	CDR-L1 CDH19 65251.008	искусств енная	AA	SGSRSNIGSNFVN
2054	CDR-L2 CDH19 65251.008	искусств енная	AA	TNYQRPS
2055	CDR-L3 CDH19 65251.008	искусств енная	AA	AVYDESLQGWV
2056	VH CDH19 65251.008	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTCACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTIONTGGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2057	VH CDH19 65251.008	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGI INPSGGDSTYAQK FQGRLTMTTRDTSTSTVYMEISSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSS
2058	VL CDH19 65251.008	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTTCCGCCTCTGGCACCCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCC TGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAACCTTCGTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCGGC

				ACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAGCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCCATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTGCAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACC AAGCTGACCGTGCTGTCC
2059	VL CDH19 65251.008	искусств енная	AA	QSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLS
2060	VH-VL CDH19 65251.008	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGCGCCGAAGTGAAGAAACCTGGCGCCTCCGTGAAGGTGTCC TGCAAGGCCTCCGGGTACACCTTACCAACTACTACATGTCCTGGGTCCGACAGGCCCCAGGC CAGGGCCTGGAATGGATGGGCATCATCAACCCCTCTGGCGGCGACTCCACCTACGCCCAGAAG TTCCAGGGCCGGCTGACCATGACCCGCGACACCTCCACCTCCACCGTGTATATGGAAGTGTCC TCCCTGCGGAGCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGGCGGCATCCAGCTGTGGCTG CACTTCGACTACTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGT GCGCGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCCCCTCCGCCTCTGGC ACCCTGGCCAGAAAGTGACCATCTCCTGCTCCGGCTCCCGGTCCAACATCGGCTCCAAC TTC GTGAACTGGTATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACACCAACTACCAG CGGCCCTCCGGCGTGCCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCCTCCCTGGCC ATCTCCGGCCTGCAGTCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGTGCCGTGTACGACGAGTCCCTG CAGGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
2061	VH-VL CDH19 65251.008	искусств енная	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK FQGRLTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDVAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYQ RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLS
2062	CDH19	искусств	AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTNYYMSWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGDSTYAQK

	65251.008 x I2C	енная		FQGR <sub>L</sub> TMTRDTSTSTVYME <sub>L</sub> SSLRSEDTAVYYCARGGIQLWLHFDYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQSVLTQPPSASGTPGQKVTISCSGSRSNIGSNFVNWYQQLPGTAPKLLIYTNYO RPSGVPDRFSGSKSGTSASLAI SGLQSEDEADYYCAVYDESLQGWVFGGGTKLTVLSGGGGSE VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN <sub>N</sub> LKTEDTAVYYCVRHG <sub>N</sub> FGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGG GGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP <sub>S</sub> LTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL <sub>L</sub> LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHH HH
2063	CDR-H1 CDH19 65252.005	искусств енная	AA	SYDMD
2064	CDR-H2 CDH19 65252.005	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVRG
2065	CDR-H3 CDH19 65252.005	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2066	CDR-L1 CDH19 65252.005	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
2067	CDR-L2 CDH19 65252.005	искусств енная	AA	GASSRAT

2068	CDR-L3 CDH19 65252.005	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2069	VH CDH19 65252.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2070	VH CDH19 65252.005	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSS
2071	VL CDH19 65252.005	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2072	VL CDH19 65252.005	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2073	VH-VL CDH19 65252.005	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC

				TCCCTGCGGGTGGAAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
2074	VH-VL CDH19 65252.005	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWDGSKNYYS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKS
2075	CDH19 65252.005 x 12C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWDGSKNYYS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTTQEPSTLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2076	CDR-H1 CDH19 65252.006	искусств енная	AA	SYDMD

2077	CDR-H2 CDH19 65252.006	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVRG
2078	CDR-H3 CDH19 65252.006	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2079	CDR-L1 CDH19 65252.006	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
2080	CDR-L2 CDH19 65252.006	искусств енная	AA	GASSRAT
2081	CDR-L3 CDH19 65252.006	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2082	VH CDH19 65252.006	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCAGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2083	VH CDH19 65252.006	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSS

2084	VL CDH19 65252.006	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTA CTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2085	VL CDH19 65252.006	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKS
2086	VH-VL CDH19 65252.006	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTA CTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
2087	VH-VL CDH19 65252.006	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR



				ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2088	CDH19 65252.006 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAIVIWDGGSNKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLTSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2089	CDR-H1 CDH19 65252.007	искусств енная	AA	SYDMD
2090	CDR-H2 CDH19 65252.007	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVRG
2091	CDR-H3 CDH19 65252.007	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2092	CDR-L1 CDH19 65252.007	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
2093	CDR-L2 CDH19	искусств енная	AA	GASSRAT

	65252.007			
2094	CDR-L3 CDH19 65252.007	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2095	VH CDH19 65252.007	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2096	VH CDH19 65252.007	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKLEWVAVIWDGSKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTVTVSS
2097	VL CDH19 65252.007	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2098	VL CDH19 65252.007	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISILEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2099	VH-VL CDH19 65252.007	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC

				GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCAGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
2100	VH-VL CDH19 65252.007	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTQVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKS
2101	CDH19 65252.007 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTQVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTQVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVVTQEPSTLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2102	CDR-H1 CDH19	искусств енная	AA	SYDMD

	65252.008			
2103	CDR-H2 CDH19 65252.008	искусств енная	AA	VIWYEGSNKYAESVRG
2104	CDR-H3 CDH19 65252.008	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2105	CDR-L1 CDH19 65252.008	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
2106	CDR-L2 CDH19 65252.008	искусств енная	AA	GASSRAT
2107	CDR-L3 CDH19 65252.008	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2108	VH CDH19 65252.008	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGCGGGGCAGATTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAAGATAACGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2109	VH CDH19	искусств	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKLEWVAVIWIYEGSNKYAES

	65252.008	енная		VRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLVTVSS
2110	VL CDH19 65252.008	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTT TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2111	VL CDH19 65252.008	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTL SLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLT ISSLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2112	VH-VL CDH19 65252.008	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTT CAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACA ACTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTG TACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
2113	VH-VL CDH19	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYIAES VRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLVTVSSGGGGSGG

	65252.008			GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2114	CDH19 65252.008 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYAES VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTIVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTIVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2115	CDR-H1 CDH19 65252.009	искусств енная	AA	SYDMD
2116	CDR-H2 CDH19 65252.009	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVRG
2117	CDR-H3 CDH19 65252.009	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2118	CDR-L1 CDH19 65252.009	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
2119	CDR-L2	искусств	AA	GASSRAT

	CDH19 65252.009	енная		
2120	CDR-L3 CDH19 65252.009	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2121	VH CDH19 65252.009	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAGATAACGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2122	VH CDH19 65252.009	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLTVSS
2123	VL CDH19 65252.009	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2124	VL CDH19 65252.009	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTL LSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLT ISSLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2125	VH-VL CDH19	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGACCCCCGGC

	65252.009			AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
2126	VH-VL CDH19 65252.009	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWDGSKNYYS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKS
2127	CDH19 65252.009 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQTPGKGLEWVAVIWDGSKNYYS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWWVQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2128	CDR-H1	искусств	AA	SYDMD



	CDH19 65252.010	енная		
2129	CDR-H2 CDH19 65252.010	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVRG
2130	CDR-H3 CDH19 65252.010	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2131	CDR-L1 CDH19 65252.010	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
2132	CDR-L2 CDH19 65252.010	искусств енная	AA	GASSRAT
2133	CDR-L3 CDH19 65252.010	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2134	VH CDH19 65252.010	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC

2135	VH CDH19 65252.010	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWDGTSNKKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSS
2136	VL CDH19 65252.010	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGACCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2137	VL CDH19 65252.010	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQORPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2138	VH-VL CDH19 65252.010	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCAGAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
2139	VH-VL	искусств	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWDGTSNKKYYADS

	CDH19 65252.010	енная		VRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTL SLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLT ISSLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2140	CDH19 65252.010 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VRGRFTISRDN SKNTLFLQMN SLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGRGTLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTL SLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLT ISSLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQT VVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2141	CDR-H1 CDH19 65252.011	искусств енная	AA	SYDMD
2142	CDR-H2 CDH19 65252.011	искусств енная	AA	VIWYDGSNKYYADSVRG
2143	CDR-H3 CDH19 65252.011	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2144	CDR-L1 CDH19 65252.011	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA

2145	CDR-L2 CDH19 65252.011	искусств енная	AA	GASSRAT
2146	CDR-L3 CDH19 65252.011	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2147	VH CDH19 65252.011	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAAGATACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2148	VH CDH19 65252.011	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYDGSNKYYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLVTVSS
2149	VL CDH19 65252.011	искусств енная	NT	GAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2150	VL CDH19 65252.011	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFLTLSISLEPEDFAVYYCQQYGSSWTFGQGTKVEIKS
2151	VH-VL	искусств	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT

	CDH19 65252.011	енная		TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC
2152	VH-VL CDH19 65252.011	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKS
2153	CDH19 65252.011 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKNYADS VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVVTQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH

2154	CDR-H1 CDH19 65252.012	искусств енная	AA	SYDMD
2155	CDR-H2 CDH19 65252.012	искусств енная	AA	VIWYEGSNKYAESVRG
2156	CDR-H3 CDH19 65252.012	искусств енная	AA	ETGEGWYFDL
2157	CDR-L1 CDH19 65252.012	искусств енная	AA	RASQSVSSSYLA
2158	CDR-L2 CDH19 65252.012	искусств енная	AA	GASSRAT
2159	CDR-L3 CDH19 65252.012	искусств енная	AA	QQYGSSWT
2160	VH CDH19 65252.012	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGGAAAGATACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC

				TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2161	VH CDH19 65252.012	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPFGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYIAES VRGRFTISRDN SKNTLFLQMNLSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLVTVSS
2162	VL CDH19 65252.012	искусств енная	NT	GAGATCGTGTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTGAGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTG TCCTGCAGAGCCTCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTGGCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGC CAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGAGCCACCGGCATCCCTGACCGGTTC TCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATCAGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTC GCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAA ATCAAGTCC
2163	VL CDH19 65252.012	искусств енная	AA	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISLSEPEDFAVYYCQQYGSSTWTFGQGTKVEIKS
2164	VH-VL CDH19 65252.012	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGTGCCGCCTCCGGCTTCAGCTTCTCCTCCTACGACATGGACTGGGTCCGACAGGCCCCCGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCGTGATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGCGGGGCAGATTCACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTTTCTGCAGATGAAC TCCCTGCGGGTGAAGATAACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGAGAGACAGGCGAGGGCTGGTAC TTCGACCTGTGGGGCCAAGGCACCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGC GGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCGAGATCGTGCTGACCCAGTCCCCTGGCACCCCTGTCCCTG AGCCCTGGCGAGAGAGCCACCCTGTCTGCAGAGCCTCCCAGTCCGTGTCTCCTCCTACCTG GCCTGGTATCAGCAGAGGCCCGGCCAGGCCCTCGGCTGCTGATCTACGGCGCCTCTTCCAGA GCCACCGGCATCCCTGACCGGTTCTCCGGCTCTGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGACCATC AGCTCGCTGGAACCCGAGGACTTCGCTGTGTACTATTGCCAGCAGTACGGCTCCTCCTGGACC TTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAAATCAAGTCC

2165	VH-VL CDH19 65252.012	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYAES VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGGSSWTFGQGTKVEIKS
2166	CDH19 65252.012 x I2C	искусств енная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFSFSSYDMDWVRQAPGKGLEWVAVIWIYEGSNKYAES VRGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRVEDTAVYYCARETGEGWYFDLWGQGLTVTVSSGGGGSGG GGSGGGGSEIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQRPGQAPRLLIYGASSR ATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISSELEPEDFAVYYCQQYGGSSWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLV ESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD RFTISRDDSKNTAYLQMNLLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSG GGSGGGGSQTVVTVQEPSTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTK FLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2167	CDR-H1 CDH19 65253.003	искусств енная	AA	SYSWS
2168	CDR-H2 CDH19 65253.003	искусств енная	AA	YIYYSGSTNYNPSLKS
2169	CDR-H3 CDH19 65253.003	искусств енная	AA	NWAFHFDY
2170	CDR-L1 CDH19	искусств енная	AA	TGSSSNIGTGVDVH



	65253.003			
2171	CDR-L2 CDH19 65253.003	искусств енная	AA	GNSNRPS
2172	CDR-L3 CDH19 65253.003	искусств енная	AA	QSYESSLSGWV
2173	VH CDH19 65253.003	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTACTCTTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCCTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCCGGAACCTGGGCCTTCCACTTCGACTAC TGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGC
2174	VH CDH19 65253.003	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFQDYWGQGLVTVSS
2175	VL CDH19 65253.003	искусств енная	NT	CAGTCTGTGCTGACCCAGCCTCCCTCTGTGTCTGGCGCCCCTGGCCAGCGCGTGACCATTTCC TGCACCGGCTCCTCCAGCAACATCGGCACCGGCTACGACGTGCACTGGTATCAGCAGCTGCCC GGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACGGCAACTCCAACCGGCCCTCCGGCGTGCCCGACCGG TTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCTCCCTGGCTATCACCGGCTGCAGGCTGAGGAC GAGGCCGACTACTACTGCCAGTCCTACGAGTCCTCCCTGTCCGGCTGGGTGTTCCGGCGGAGGC ACCAAAGTACCGTGCTGTCC
2176	VL CDH19 65253.003	искусств енная	AA	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPSGVPDR FSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYQCQSYESSLSGWVFGGGTKLTVLS

2177	VH-VL CDH19 65253.003	искусств енная	NT	CAGGTGCAGCTGCAGGAATCCGGCCCTGGCCTGGTCAAGCCCTCCGAGACACTGTCCCTGACC TGCACCGTGTCCGGCGGCTCCATCTCCTCCTACTCTTGGTCCTGGATCCGGCAGCCCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGATCGGCTACATCTACTACTCCGGCTCCACCAACTACAACCCAGCCTG AAGTCCAGAGTGACCATCTCCCTGGACACCTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGTCTCC GTGACCGCCGCTGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCCGGAACTGGGCCTTCCACTTCGACTAC TGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCT GGCGGCGGAGGCTCCAGTCTGTGCTGACCCAGCCTCCCTCTGTGTCTGGCGCCCCTGGCCAG CGCGTGACCATTTCTGCACCGGCTCCTCCAGCAACATCGGCACCGGCTACGACGTGCACTGG TATCAGCAGCTGCCCCGGCACCGCCCCAAGCTGCTGATCTACGGCAACTCCAACCGGCCCTCC GGCGTGCCCGACCGGTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCCGCTCCCTGGCTATCACCGGC CTGCAGGCTGAGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGTCCTACGAGTCCTCCCTGTCCGGCTGG GTGTTCCGGCGGAGGCACCAAACCTGACCGTGCTGTCC
2178	VH-VL CDH19 65253.003	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWQGLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESSLSGWVFGGGTKLTVLS
2179	CDH19 65253.003 x I2C	искусств енная	AA	QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSYSWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSL KSRVTISLDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARNWAFHFDYWQGLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSQSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGTGYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPS GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYESSLSGWVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSGGGG GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGT

				KFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
2180	CDR-H1 CDH19 65254.001	искусств енная	AA	SYGMH
2181	CDR-H2 CDH19 65254.001	искусств енная	AA	FIWYDGSNKYYADSVKD
2182	CDR-H3 CDH19 65254.001	искусств енная	AA	RAGIIGTIGYYYGMDV
2183	CDR-L1 CDH19 65254.001	искусств енная	AA	SGDRLGEKYTS
2184	CDR-L2 CDH19 65254.001	искусств енная	AA	QDTKRPS
2185	CDR-L3 CDH19 65254.001	искусств енная	AA	QAWDSSTVV
2186	VH CDH19 65254.001	искусств- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGACCGGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAG

				TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
2187	VH CDH19 65254.001	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWDGSKNYYS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
2188	VL CDH19 65254.001	искусст- венная	NT	TCTTACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACC TGTTCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAGTACACCAGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCC CCCCTGCTGGTCATCTACCAGGACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGC TCCAAC TCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGAC TACTACTGCCAGGCCTGGGACTCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTG CTGTCC
2189	VL CDH19 65254.001	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTRPSGIPERFSG SNSGNTATLTI SGTQAMDEADY YCQAWDSSTVVFVGGGTKLTVLS
2190	VH-VL CDH19 65254.001	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCCGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTCACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGACCGGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAG TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAGTACACCAGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCCCCCTGCTGGTCATCTACCAG GACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGTCCAAC TCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAC

				TCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
2191	VH-VL CDH19 65254.001	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGGSNKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLS
2192	CDH19 65254.001 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGGSNKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLSGGGGG EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN LKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
2193	CDR-H1 CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	SYGMH
2194	CDR-H2 CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	FIWYDGSNKYYADSVKD
2195	CDR-H3 CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYGMDV

2196	CDR-L1 CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYTS
2197	CDR-L2 CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	QDTKRPS
2198	CDR-L3 CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	QAWDSSTVV
2199	VH CDH19 65254.003	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGACCGGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAG TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
2200	VH CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKYYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
2201	VL CDH19 65254.003	искусст- венная	NT	TCTTACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACC TGTTCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAGTACACCAGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCC CCCCTGCTGGTCATCTACCAGGACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGC TCCAACCTCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGAC TACTACTGCCAGGCCTGGGACTCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTG CTGTCC

2202	VL CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLS
2203	VH-VL CDH19 65254.003	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGGAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGACGGCTCCAACAAGTACTACGCCGACTCC GTGAAGGACCGGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACCCTGTACCTGCAGATGAAG TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAGTACACCAGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCCCCCTGCTGGTCATCTACCAG GACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCCAACCTCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAC TCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
2204	VH-VL CDH19 65254.003	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLS
2205	CDH19 65254.003 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWDGSKNYADS VKDRFTISRDNKNTLYLQMKSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA

				DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
2206	CDR-H1 CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	SYGMH
2207	CDR-H2 CDH19 65254.007	искусств енная	AA	FIWYEGSNKYAESVKD
2208	CDR-H3 CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	RAGIIGTIGYYYYGMDV
2209	CDR-L1 CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	SGDRLGEKYTS
2210	CDR-L2 CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	QDTKRPS
2211	CDR-L3 CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	QAWESSTVV



2212	VH CDH19 65254.007	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGACCGGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAT TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGC
2213	VH CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKLEWVAFIWYEGSNKYAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTTVTVSS
2214	VL CDH19 65254.007	искусст- венная	NT	TCTTACGAGCTGACCCAGCCCCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACC TGTTCTGGCGACCGGCTGGGCGAGAAGTACACCAGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCC CCCCTGCTGGTCATCTACCAGGACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGC TCCAACCTCCGGCAACACCGCCACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGAC TACTACTGCCAGGCCTGGGAGTCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTG CTGTCC
2215	VL CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSG SNSGNTATLTIISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVGGGTKLTVLS
2216	VH-VL CDH19 65254.007	искусст- венная	NT	CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCCGGCGGAGGCGTGGTGCAGCCTGGCGGGTCCCTGAGACTGTCT TGCGCCGCCTCCGGCTTACCTTCTCCAGCTACGGCATGCACTGGGTCCGACAGGCCCTGGC AAGGGCCTGGAATGGGTGGCCTTCATTTGGTACGAGGGCTCCAACAAGTACTACGCCGAGTCC GTGAAGGACCGGTTACCATCTCCCGGGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGAAT TCCCTGCGGGCCGAGGACACCGCCGTGTACTACTGTGCCAGAAGGGCCGGCATCATCGGCACC ATCGGCTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGCCAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTAGCGGA GGCGGAGGATCTGGTGGCGGTGGTTCTGGCGGCGGAGGCTCCTCTTACGAGCTGACCCAGCCC

				CCCTCCGTGTCCGTGTCTCCTGGCCAGACCGCCTCCATCACCTGTTCTGGCGACCGGCTGGGC GAGAAGTACACCAGTTGGTATCAGCAGCGGCCTGGCCAGTCCCCCTGCTGGTCATCTACCAG GACACCAAGCGGCCCTCCGGCATCCCTGAGCGGTTCTCCGGCTCCAACCTCCGGCAACACCGCC ACCCTGACCATCTCCGGCACCCAGGCCATGGACGAGGCCGACTACTACTGCCAGGCCTGGGAG TCCTCCACCGTGGTGTTCGGCGGAGGCACCAAGCTGACCGTGCTGTCC
2217	VH-VL CDH19 65254.007	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKQYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVGGGTKLTVLS
2218	CDH19 65254.007 x I2C	искусст- венная	AA	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIWIYEGSNKYAAES VKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGTITVTVSSG GGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEKQYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVGGGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLVSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLHHH HHH
2219	CDH19 14302 CC x I2C-LFcBY	искусст- венная	aa	QRFVTGHFGGLYPANGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWIYDGSNKYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGIIGT IGYYYGMDVWGQGTITVTVSSGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLE EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW SSTVVFVGGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPG

				KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGS QRFCTGHFGGLHPCNGHHHHH
2220	CDH19 14302 CC x I2C-LFcBY- 156	искусст- венная	aa	QRFVTGHFGGLYPANGGGGGSQVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPG KCLEWVAFIWDGNSKYYADSVKDRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGT IGYYYGMDVWGQGT TVTVSSGGGGSGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAW SSTVVFVCGTKLTVLSSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPG KGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFG NSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCV LWYSNRWVFGGGTKLTVLGGGGS QRFCTGHFGGLHPCNG GGGGS GGGGS RDWDFDVFGGGTPVGGHHHHH
2221	CDH19 14302 CC x I2C-Cys- петля	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGNSKYYADS VKDRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG GGGSGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLG EKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFVCGTKLTVLSSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLGGC GGGCHHHHHH

2222	CDH19 14302 CC x I2C-HALB	искусств енная	aa	<p>QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGQTVV TQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQ QKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYC VLWYSNRWVFGGGTKLTVL PGG GGS DAHKSEVAHRFKDLG EENFKALVLI AFAQYLQQCFEDHV KLVNEVTEFAKTCVADES AE NCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGEMADCCAKQEPERNECFLQHKDDNP NLPRLV RPEVDVM CTAFHDNEETFLKKYLYE IARRHPYFYAPELLFFAKRYKAAFTECCQAADKAA CLLPKLDEL R DEGKASSAKQRLK CASLQKFGERA FKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLTKVHTECCHGD LLECADDRADLAKY ICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPADLPSLAADFVES KDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVLLLR LAKTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFD EFKPLVEEPQNL IKQNCELFEQLGEYKFQNAL LVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCC KHPEAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCTESLVNRRPCFSALEVD ETYVPKE FNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQ TALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKADDK ETCFAEEGKKLVAASQAALGLDYHHHHHH</p>
2223	CDH19 14302 CC x I2C-GS- D3HSA	искусст- венная	aa	<p>QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSVKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA</p>

				DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHP EAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPKEFNA ETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKKADDKETC FAEEGKKLVAASQAALGLHHHHH
2224	CDH19 14302 CC x I2C-3GS- D3HSA	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSV VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIIQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSGGGGSGGGGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLG KVGSKCKHPKAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCTESLVNRRPCFSALEVD ETYPKEFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEK CKKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGLHHHHH
2225	CDH19 14302 CC x I2C-GS- D3HSA-156	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSV VKDRFTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARRAGIIGTIGYYYGMDVWGQGLTVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDRLEGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIIQ DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVFSGTKLTVLSGGGGS

				EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCCKHP EAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPKEFNA ETFTFHADICTLSEKERQIKKQ TALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKADDKETC FAEEGKKLVAASQAALGL GGGGSGGGS RDWDFDVFGGGTPVGG HHHHHH
2226	CDH19 14302 CC x I2C-3GS- D3HSA-156	искусст- венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSD VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ DTKRPSGIPERFSGS NSGNTATLTISGTQAMDEADYYCQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGGS EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNGFGNSYISYWAYWGQGLVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLGSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG GGSGGGGSGGGGSEEPQNLIKQNCELFEQLGEYKFNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLG KVGSKCCKHPEAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCTESLVNRRPCFSALEVD ETYPKEFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQ TALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEK CCKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGL GGGGSGGGS RDWDFDVFGGGTPVGG HHHHHH
2227	CDH19 14302 CC x I2C-GS-	искусст= венная	aa	QVQLVESGGGVVQPGGSLRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKNYADSD VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ

	D3HSA-21			<p>DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SGTQAMDEADYICQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGGS</p> <p>EVQLVESGGGLVQP GGS LKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA</p> <p>DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG</p> <p>GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL</p> <p>IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG</p> <p>GGSEEPQNLIKQNC ELFQ LGEYKFQNAL LVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCCKHP</p> <p>EAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVT KCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPKEFNA</p> <p>ETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEKCKADDKETC</p> <p>FAEEGKKLVAASQAALGL GGGSGGGGS RLIEDICLPRWGCLWEDD HHHHHH</p>
2228	CDH19 14302 CC x I2C-3GS- D3HSA-21	искусст= венная	aa	<p>QVQLVESGGGVVQP GGS LRLS CAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKCLEWVAFIWDGSKYYADS</p> <p>VKDRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCARRAGI IGTIGYYYGMDVWGQGT TVTVSSG</p> <p>GGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDR LGEKYTSWYQQRPGQSPLLVIYQ</p> <p>DTKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTI SGTQAMDEADYICQAWESSTVVF GCGTKLTVLSGGGGS</p> <p>EVQLVESGGGLVQP GGS LKLS CAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA</p> <p>DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSG</p> <p>GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL</p> <p>IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL T LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLPGG</p> <p>GGSGGGGSGGGGSEEPQNLIKQNC ELFQ LGEYKFQNAL LVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLG</p> <p>KVGSKCCKHPEAKRMPCAEDYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVT KCCTESLVNRRPCFSALEVD</p> <p>ETYVPKEFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDDFAAFVEK</p> <p>CCKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGL GGGSGGGGS RLIEDICLPRWGCLWEDD</p> <p>HHHHHH</p>

СПИСОК ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

<110> Amgen Research (Munich) GmbH

<120> Конструкции антител к CDH19 и CD3

<130> MIM14643PCT

<140> PCT/EP2014/051550

<141> 2014-01-27

<150> 61/756,991

<151> 2013-01-25

<150> 61/785,147

<151> 2013-03-14

<160> 2228

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 15

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-H1

<400> 1

agctatggca tgcac

15

<210> 2

<211> 51

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-H2

<400> 2

gttatatgggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c

51

<210> 3

<211> 48

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-H3

<400> 3

agggccggta taataggaac tacaggctac tactacggta tggacgtc

48

<210> 4

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-H1



<400> 4

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 5

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-H2

<400> 5

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 6

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-H3

<400> 6

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 7

<211> 21

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1F10 - CDR-H1

<400> 7

agtgggtgggtt actactggag c

21

<210> 8

<211> 48

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1F10 - CDR-H2

<400> 8

tacatctatt acagtgggag cacctactac aaccsgtccc tcacgagt

48

<210> 9

<211> 30  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - CDR-H3

<400> 9  
gatggaagca gtggctggta cttccagcac

30

<210> 10  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - CDR-H1

<400> 10

Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 11  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - CDR-H2

<400> 11

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Thr Ser  
1 5 10 15

<210> 12  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - CDR-H3

<400> 12

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln His  
1 5 10

<210> 13  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-H1

<400> 13  
agctatggca tgcac

15

<210> 14  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-H2

<400> 14  
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 15  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-H3

<400> 15  
agggccggtg taataggaac tacaggctac tactacggta tggacgtc 48

<210> 16  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-H1

<400> 16

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 17  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-H2

<400> 17

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 18  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-H3

<400> 18

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 19

<211> 15

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6\_LC#1 - CDR-H1

<400> 19

agctatggca tgcac

15

<210> 20

<211> 51

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6\_LC#1 - CDR-H2

<400> 20

tttatatggg atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaagga c

51

<210> 21

<211> 48

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6\_LC#1 - CDR-H3

<400> 21

agggccggta taataggaac tataggctac tactacggta tggacgtc

48

<210> 22

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6\_LC#1 - CDR-H1

<400> 22

Ser Tyr Gly Met His

1

5

<210> 23

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6\_LC#1 - CDR-H2

<400> 23

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 24

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6\_LC#1 - CDR-H3

<400> 24

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 25

<211> 15

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - CDR-H1

<400> 25

agctatggca tgcac

15

<210> 26

<211> 51

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - CDR-H2

<400> 26

tttatatgggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaagga c

51

<210> 27

<211> 48

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - CDR-H3

<400> 27

agggccggtg taataggaac tataggctac tactacggta tggacgtc

48

<210> 28

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - CDR-H1

<400> 28

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 29

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - CDR-H2

<400> 29

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 30

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - CDR-H3

<400> 30

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 31

<211> 15

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2H12 - CDR-H1

<400> 31

agctatggca tgcac

15

<210> 32

<211> 51

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2H12 - CDR-H2

<400> 32

ggttatatgggt atgatggaag taataaatac tatacagact csgtgaaggg c

51

<210> 33  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-H3

<400> 33  
agggccggta taataggaac tacaggctac tactacggta tggacgtc

48

<210> 34  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-H1

<400> 34

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 35  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-H2

<400> 35

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Thr Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 36  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-H3

<400> 36

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 37  
<211> 15  
<212> ДНК

<213> искусственная  
<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-H1  
<400> 37  
agctatggca tgcac 15

<210> 38  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-H2  
<400> 38  
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatacagact ccgtgaaggg c 51

<210> 39  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-H3  
<400> 39  
agggccggt taataggaac tacaggctac tactacggta tggacgtc 48

<210> 40  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-H1  
<400> 40  
Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 41  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-H2  
<400> 41  
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Thr Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly



<210> 42  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-H3

<400> 42

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 43  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-H1

<400> 43

agtagtggtt actactggag c 21

<210> 44  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-H2

<400> 44

tacatctatt aactgaggag cgcctactac aaccggtccc tcaagagt 48

<210> 45  
<211> 30  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-H3

<400> 45

gatggaagca gtggctggta cttccagtat 30

<210> 46  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-H1

<400> 46

Ser Ser Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 47  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-H2

<400> 47

Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 48  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-H3

<400> 48

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr  
1 5 10

<210> 49  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-H1

<400> 49

ggttactact ggagc

15

<210> 50  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-H2

<400> 50

tatttctctt acagtggag caccactac aaccstccc tcaagat

48

<210> 51  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-H3

<400> 51

aactgggct tccactttga cttc

24

<210> 52  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-H1

<400> 52

Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 53  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-H2

<400> 53

Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 54  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-H3

<400> 54

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe  
1 5

<210> 55  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-H1

<400> 55  
agctatgaca tgcac

15

<210> 56  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-H2

<400> 56

gttatatcat atgatggaac taatgaatac tatgcagact ccgtgaaggg c

51

<210> 57  
<211> 30  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-H3

<400> 57  
gaacgatatt ttgactggtc ttttgactac

30

<210> 58  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-H1

<400> 58

Ser Tyr Asp Met His  
1 5

<210> 59  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-H2

<400> 59

Val Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 60  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-H3

<400> 60

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 61  
<211> 15  
<212> ДНК

<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-H1  
<400> 61  
agttatgaca tgcac 15

<210> 62  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-H2  
<400> 62  
gttatatcat atgatggaac taatgaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 63  
<211> 30  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-H3  
<400> 63  
gaacgatatt ttgactggtc ttttgactac 30

<210> 64  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-H1  
<400> 64  
Ser Tyr Asp Met His  
1 5

<210> 65  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-H2  
<400> 65  
Val Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 66  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D2 - CDR-H3

<400> 66

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr  
1                   5                   10

<210> 67  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - CDR-H1

<400> 67  
agctatgaca tggac

15

<210> 68  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - CDR-H2

<400> 68  
gttatatggg atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgagggg c

51

<210> 69  
<211> 30  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - CDR-H3

<400> 69  
gaaactgggg agggctggta cttcgatctc

30

<210> 70  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - CDR-H1

<400> 70

Ser Tyr Asp Met Asp  
1                   5

<210> 71  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - CDR-H2

<400> 71

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 72  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - CDR-H3

<400> 72

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 73  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - CDR-H1

<400> 73

agctatgaca tgcac

15

<210> 74  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - CDR-H2

<400> 74

gttatattggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c

51

<210> 75  
<211> 30  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - CDR-H3

<400> 75  
gagtataggt acagctggta ctttgactac

30

<210> 76  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - CDR-H1

<400> 76

Ser Tyr Asp Met His  
1 5

<210> 77  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - CDR-H2

<400> 77

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 78  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - CDR-H3

<400> 78

Glu Tyr Arg Tyr Ser Trp Tyr Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 79  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 - CDR-H1

<400> 79  
agttactcct ggagc

15

<210> 80



<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 4F7 - CDR-H2  
  
<400> 80  
tatatctatt acagtgggag caccсаастас аасссстссс тсаагагт 48

<210> 81  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 4F7 - CDR-H3  
  
<400> 81  
аастгггсст тссасттга стас 24

<210> 82  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 4F7 - CDR-H1  
  
<400> 82  
  
Ser Tyr Ser Trp Ser  
1 5

<210> 83  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 4F7 - CDR-H2  
  
<400> 83  
  
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 84  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 4F7 - CDR-H3  
  
<400> 84  
  
Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 85  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-H1  
  
<400> 85  
agctatagca tgcac 15

<210> 86  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-H2  
  
<400> 86  
tccattagta gtagtagtag ttacatatac tacgcagact cagtgaaggg c 51

<210> 87  
<211> 42  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-H3  
  
<400> 87  
ggggaactg gaactaacta ctactactac ggtatggacg tc 42

<210> 88  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-H1  
  
<400> 88  
  
Ser Tyr Ser Met His  
1 5

<210> 89  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-H2  
  
<400> 89  
  
Ser Ile Ser Ser Ser Ser Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 90  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 5E3 - CDR-H3

<400> 90

Gly Glu Thr Gly Thr Asn Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 91  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-H1

<400> 91  
agttactact ggagc

15

<210> 92  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-H2

<400> 92  
tatatctatt acattgggag caccsaactac aaccsctccc tcaagagt

48

<210> 93  
<211> 42  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-H3

<400> 93  
gattcccggt atagaagtgg ctggtacgat gcttttgata tc

42

<210> 94  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-H1

<400> 94

Ser Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 95  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-H2

<400> 95

Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 96  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-H3

<400> 96

Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile  
1 5 10

<210> 97  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-H1

<400> 97

ggttactact ggagc

15

<210> 98  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-H2

<400> 98

tatatctatt acattgggag caccaactac aaccctccc tcaagagt

48

<210> 99  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-H3

<400> 99  
gatgggagca gtggctggta ccggtgggttc gacccc

36

<210> 100  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-H1

<400> 100

Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 101  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-H2

<400> 101

Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 102  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-H3

<400> 102

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro  
1 5 10

<210> 103  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 - CDR-H1

<400> 103  
agttactact ggagc

15

<210> 104  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>

<223> 16A4 - CDR-H2

<400> 104

tatatctatt acagtgggag caccaattac aaccctccc tcaagagt

48

<210> 105

<211> 51

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 16A4 - CDR-H3

<400> 105

gatcaaaggc ggatagcagc agctgggtacc cacttctacg gtatggacgt c

51

<210> 106

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16A4 - CDR-H1

<400> 106

Ser Tyr Tyr Trp Ser

1 5

<210> 107

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16A4 - CDR-H2

<400> 107

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 108

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16A4 - CDR-H3

<400> 108

Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met Asp

1 5 10 15

Val

<210> 109  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-H1  
  
<400> 109  
agctatggca tgcac 15

<210> 110  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-H2  
  
<400> 110  
gtgatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 111  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-H3  
  
<400> 111  
gacgggtggg agctgtcctt tgactac 27

<210> 112  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-H1  
  
<400> 112  
  
Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 113  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-H2  
  
<400> 113  
  
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 114  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-H3

<400> 114

Asp Gly Trp Glu Leu Ser Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 115  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-H1

<400> 115  
agttatgccca tgaac

15

<210> 116  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-H2

<400> 116  
actattagtg gtgggtgtgc taacacatac tacgcagact ccgtgaaggg c

51

<210> 117  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-H3

<400> 117  
gggggaatgg ggggatacta ctacggtatg gacgtc

36

<210> 118  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-H1

<400> 118



Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 119  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-H2

<400> 119

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 120  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-H3

<400> 120

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 121  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-H1

<400> 121  
agctacttta ttcac

15

<210> 122  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-H2

<400> 122  
ataatcaacc ctattagtgt tagcacaagc tacgcacaga agttccaggg c

51

<210> 123  
<211> 33  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-H3

<400> 123

ggggggatag agctatgggtt acattttgac tac

33

<210> 124

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-H1

<400> 124

Ser Tyr Phe Ile His

1 5

<210> 125

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-H2

<400> 125

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 126

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-H3

<400> 126

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 127

<211> 15

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 22D1 - CDR-H1

<400> 127

agctacttta ttcac

15

<210> 128  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-H2

<400> 128  
ataatcaacc ctattagtgt tagcacaagc tacgcacaga agttccaggg c

51

<210> 129  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-H3

<400> 129  
ggggggatac agstatgggtt acatttggac tac

33

<210> 130  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-H1

<400> 130

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 131  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-H2

<400> 131

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 132  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-H3  
  
<400> 132  
Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 133  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-H1

<400> 133  
agctactata ttcac 15

<210> 134  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-H2

<400> 134  
ataatcaacc ccagtggtgg tagcacaagg tacgcacaga agttccaggg c 51

<210> 135  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-H3

<400> 135  
gggggaatas agctatgggtt acattttgac tac 33

<210> 136  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-H1

<400> 136

Ser Tyr Tyr Ile His  
1 5

<210> 137  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> 25F8 - CDR-H2

<400> 137

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 138

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25F8 - CDR-H3

<400> 138

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 139

<211> 15

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26F12, 27B3 - CDR-H1

<400> 139

aactactata tgtcc

15

<210> 140

<211> 51

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26F12, 27B3 - CDR-H2

<400> 140

ataatcaacc ctagtgtgg tgactcaacc tacgcacaga agttccaggg c

51

<210> 141

<211> 33

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26F12, 27B3 - CDR-H3

<400> 141

ggggggatac aactatgggtt acattttgac tac

33

<210> 142

<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-H1

<400> 142

Asn Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 143  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-H2

<400> 143

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 144  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-H3

<400> 144

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 145  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - CDR-H1

<400> 145  
agctactata tgtcc

15

<210> 146  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - CDR-H2

<400> 146  
ataatccacc ctagtgggtgg tgacacaacc tacgcacaga agttccaggg c 51

<210> 147  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - CDR-H3

<400> 147  
ggggggataa aactatgggtt acattttgac tat 33

<210> 148  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - CDR-H1

<400> 148

Ser Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 149  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - CDR-H2

<400> 149

Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 150  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - CDR-H3

<400> 150

Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 151

<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 25G10 - CDR-H1  
  
<400> 151  
ggttactact ggagc 15

<210> 152  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 25G10 CDR-H2  
  
<400> 152  
tatatctatt acattgggag caccaactac aaccctccc tcaagagt 48

<210> 153  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 25G10 - CDR-H3  
  
<400> 153  
gatgggagca gtggctggta ccggtgggtc gacccc 36

<210> 154  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 25G10 - CDR-H1  
  
<400> 154  
  
Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 155  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 25G10 - CDR-H2  
  
<400> 155  
  
Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 156



<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25G10 - CDR-H3

<400> 156

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro  
1 5 10

<210> 157  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - CDR-H1

<400> 157  
cgctatggca tacac

15

<210> 158  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - CDR-H2

<400> 158  
gttatatggg atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c

51

<210> 159  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - CDR-H3

<400> 159  
agggccggta tacctggaac tacgggctac tactatggta tggacgtc

48

<210> 160  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - CDR-H1

<400> 160

Arg Tyr Gly Ile His  
1 5

<210> 161

<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - CDR-H2

<400> 161

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 162  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - CDR-H3

<400> 162

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 163  
<211> 15  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-H1

<400> 163  
agctacttta ttcac

15

<210> 164  
<211> 51  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-H2

<400> 164  
attatcaacc ctattagtgt tagcacaagc tacgcacaga agttccaggg c

51

<210> 165  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-H3

<400> 165

ggggggatac agctatgggtt acatttggac tac

33

<210> 166  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-H1

<400> 166

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 167  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-H2

<400> 167

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 168  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-H3

<400> 168

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 169  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1D10, 2C12 - CDR-L1

<400> 169

tctggagata gattggggga aaaatatact tgc

33

<210> 170  
<211> 21  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-L2

<400> 170

сааgаtасса аgсggссстс а

21

<210> 171

<211> 27

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-L3

<400> 171

саggсgtggg асаgсаgсас tgtggta

27

<210> 172

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-L1

<400> 172

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys

1

5

10

<210> 173

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-L2

<400> 173

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser

1

5

<210> 174

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - CDR-L3

<400> 174

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val

1

5

<210> 175

<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 1F10 - CDR-L1  
  
<400> 175  
agggccaagtс ggagtattag сagсаgстас ttаgсс 36

<210> 176  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 1F10 - CDR-L2  
  
<400> 176  
ggтссатсса gсаgggссас t 21

<210> 177  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 1F10 - CDR-L3  
  
<400> 177  
саgсаgtatg gтаgстсatt саst 24

<210> 178  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 1F10 - CDR-L1  
  
<400> 178  
  
Arg Ala Ser Arg Ser Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 179  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 1F10 - CDR-L2  
  
<400> 179  
  
Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 180

<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - CDR-L3

<400> 180

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr  
1 5

<210> 181  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-L1

<400> 181  
aggctctagtc aaagcctcgt atacagtgat ggaaacacct acttgaat

48

<210> 182  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-L2

<400> 182  
aaggtttcta actgggactc t

21

<210> 183  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-L3

<400> 183  
atgcaaggta tagtgtggcc gtgcagt

27

<210> 184  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-L1

<400> 184

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Asn  
1 5 10 15

<210> 185

<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-L2

<400> 185

Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser  
1 5

<210> 186  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - CDR-L3

<400> 186

Met Gln Gly Ile Val Trp Pro Cys Ser  
1 5

<210> 187  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - CDR-L1

<400> 187  
aggctctagtc aaagcctcgt atacagtgat ggaaacacct acttgaat

48

<210> 188  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - CDR-L2

<400> 188  
caggtttcta actgggactc t

21

<210> 189  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - CDR-L3

<400> 189  
atgcaagata cactgtggcc gtgscagt

27

<210> 190

<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - CDR-L1

<400> 190

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Asn  
1 5 10 15

<210> 191  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - CDR-L2

<400> 191

Gln Val Ser Asn Trp Asp Ser  
1 5

<210> 192  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - CDR-L3

<400> 192

Met Gln Asp Thr Leu Trp Pro Cys Ser  
1 5

<210> 193  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 - CDR-L1

<400> 193  
tctggagata ggttggggga aaaatatact tgc

33

<210> 194  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 - CDR-L2

<400> 194  
caagatacca agcggcctc a

21



<210> 195  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 - CDR-L3

<400> 195  
caggcgtggg acagcagcac tgtggta

27

<210> 196  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 - CDR-L1

<400> 196  
Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys  
1                   5                   10

<210> 197  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 - CDR-L2

<400> 197  
Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1                   5

<210> 198  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 - CDR-L3

<400> 198  
Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1                   5

<210> 199  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-L1

<400> 199

tctggagata gattggggga aaaatatact tgc

33

<210> 200  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-L2

<400> 200  
сааgатасса агсggссстс а

21

<210> 201  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-L3

<400> 201  
саggсgtggg асаgсаgсас tgtggta

27

<210> 202  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-L1

<400> 202

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys  
1                    5                    10

<210> 203  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-L2

<400> 203

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1                    5

<210> 204  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - CDR-L3

<400> 204

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 205  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-L1

<400> 205  
aggctctagtc aaagcctcgt atacagtgat ggaaacacct acttgaat 48

<210> 206  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-L2

<400> 206  
aaggtttcta actgggactc t 21

<210> 207  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-L3

<400> 207  
atgcaagata cactgtggcc gtgcagt 27

<210> 208  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-L1

<400> 208

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Asn  
1 5 10 15

<210> 209  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-L2

<400> 209

Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser  
1 5

<210> 210  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - CDR-L3

<400> 210

Met Gln Asp Thr Leu Trp Pro Cys Ser  
1 5

<210> 211  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-L1

<400> 211  
agggccagtc ggaatattag cagcagctac ttagcc

36

<210> 212  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-L2

<400> 212  
ggtccatcca gcagggccac t

21

<210> 213  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-L3

<400> 213  
cagcagtatg gtagctcatt cact

24

<210> 214  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-L1

<400> 214

Arg Ala Ser Arg Asn Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 215  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-L2

<400> 215

Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 216  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - CDR-L3

<400> 216

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr  
1 5

<210> 217  
<211> 42  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-L1

<400> 217  
actgggagca gctccaacat cgggacaggt tatgctgtac ac

42

<210> 218  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-L2

<400> 218  
ggtaacaaca atcggccctc a

21

<210> 219  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-L3

<400> 219  
cagtcctatg acagcagact gagtggttgg gtg

33

<210> 220  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-L1

<400> 220

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Ala Val His  
1 5 10

<210> 221  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-L2

<400> 221

Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 222  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - CDR-L3

<400> 222

Gln Ser Tyr Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 223  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-L1

<400> 223  
agggsscagtc agagtgttag caacacctac ttagcc

36

<210> 224  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-L2

<400> 224  
ggatgcatcca gcagggccac t

21

<210> 225  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-L3

<400> 225  
cagcagtaca gtaactcgtg gacg

24

<210> 226  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-L1

<400> 226

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 227  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-L2

<400> 227

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 228  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - CDR-L3

<400> 228

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 229  
<211> 36  
<212> ДНК

<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-L1  
<400> 229  
agggccagtc agagtgttag саасасстас ttagcc 36

<210> 230  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-L2  
<400> 230  
ggtgcatcca gcagggccgc t 21

<210> 231  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-L3  
<400> 231  
cagcagtata gtaactcgtg gacg 24

<210> 232  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-L1  
<400> 232  
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 233  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 4D2 - CDR-L2  
<400> 233  
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Ala  
1 5

<210> 234  
<211> 8  
<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> 4D2 - CDR-L3

<400> 234

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 235

<211> 36

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4D3, 4F3 - CDR-L1

<400> 235

agggccagtc agagtgttag cagcagctac ttagcc

36

<210> 236

<211> 21

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4D3, 4F3 - CDR-L2

<400> 236

ggtgcatcca gcagggccac t

21

<210> 237

<211> 24

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4D3, 4F3 - CDR-L3

<400> 237

cagcagtatg gtagctcgtg gacg

24

<210> 238

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4D3, 4F3 - CDR-L1

<400> 238

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 239

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4D3, 4F3 - CDR-L2

<400> 239

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 240

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4D3, 4F3 - CDR-L3

<400> 240

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 241

<211> 36

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4E10 - CDR-L1

<400> 241

agggccagtc agagtgttgg cagcagctac ttagcc

36

<210> 242

<211> 21

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4E10 - CDR-L2

<400> 242

ggtgcatcca gcagggtcac t

21

<210> 243

<211> 24

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4E10 - CDR-L3

<400> 243

cagcaatata gtaactcgtg gacg

24

<210> 244

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4E10 - CDR-L1

<400> 244

Arg Ala Ser Gln Ser Val Gly Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 245

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4E10 - CDR-L2

<400> 245

Gly Ala Ser Ser Arg Val Thr  
1 5

<210> 246

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4E10 - CDR-L3

<400> 246

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 247

<211> 42

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 - CDR-L1

<400> 247

actgggagca gtcсаатат сgggасaggt tatgatgtac ac

42

<210> 248

<211> 21

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 - CDR-L2

<400> 248

ggтаасagca atcggсстс а

21

<210> 249

<211> 33  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 - CDR-L3

<400> 249

Cys Ala Gly Thr Cys Cys Thr Ala Thr Gly Ala Cys Ala Gly Cys Ala  
1 5 10 15

Gly Thr Cys Thr Gly Ala Gly Thr Gly Gly Thr Thr Gly Gly Gly Thr  
20 25 30

Gly

<210> 250  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 - CDR-L1

<400> 250

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His  
1 5 10

<210> 251  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 - CDR-L2

<400> 251

Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 252  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 - CDR-L3

<400> 252

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 253

<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-L1  
  
<400> 253  
tctggagata aattggggga tgaatatgct tgc 33

<210> 254  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-L2  
  
<400> 254  
сааgатаgса агсggссctс а 21

<210> 255  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-L3  
  
<400> 255  
саggсgtggg асаgсаgсас tgtggta 27

<210> 256  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-L1  
  
<400> 256  
  
Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Glu Tyr Ala Cys  
1 5 10

<210> 257  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 5E3 - CDR-L2  
  
<400> 257  
  
Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 258

<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 5E3 - CDR-L3

<400> 258

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 259  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-L1

<400> 259  
agggccagtc agagtgttgc cggcagctac ctagcc

36

<210> 260  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-L2

<400> 260  
ggtgcatcca gcagggccac t

21

<210> 261  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-L3

<400> 261  
cagcagtatg gtaaatsacc gatcacc

27

<210> 262  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-L1

<400> 262

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 263

<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-L2

<400> 263

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 264  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 - CDR-L3

<400> 264

Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr  
1 5

<210> 265  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-L1

<400> 265  
agggccagcc agagtgttag cagcagctac ttagcc

36

<210> 266  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-L2

<400> 266  
ggtgcatcca gcagggccac t

21

<210> 267  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-L3

<400> 267  
cagcagtatg gtaactcacc gctcact

27

<210> 268

<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-L1

<400> 268

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 269  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-L2

<400> 269

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 270  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1 - CDR-L3

<400> 270

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Leu Thr  
1 5

<210> 271  
<211> 36  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 - CDR-L1

<400> 271  
agggssagtc agagtgttag cagcagttat ttagcc

36

<210> 272  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 - CDR-L2

<400> 272  
ggtacatcca gcagggssac t

21



<210> 273  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 - CDR-L3

<400> 273  
cagcagtacg gtagctcacc tttcact

27

<210> 274  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 - CDR-L1

<400> 274

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 275  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 - CDR-L2

<400> 275

Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 276  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 - CDR-L3

<400> 276

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Phe Thr  
1 5

<210> 277  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-L1

<400> 277

cgggcgagtc agggcattag caattattta gcc

33

<210> 278  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-L2

<400> 278  
gctgcatcca gtttgcaaag t

21

<210> 279  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-L3

<400> 279  
саасастатт ттасттассс тсггасг

27

<210> 280  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-L1

<400> 280

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 281  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-L2

<400> 281

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser  
1 5

<210> 282  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - CDR-L3

<400> 282

Gln His Tyr Phe Thr Tyr Pro Arg Thr  
1 5

<210> 283  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-L1

<400> 283  
agggccagtc agagtattag cagcaactta gcc 33

<210> 284  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-L2

<400> 284  
ggtgcattta ccagggccac t 21

<210> 285  
<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-L3

<400> 285  
cagcagtata attactggcc gctcact 27

<210> 286  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-L1

<400> 286

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 287  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-L2

<400> 287

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 288  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - CDR-L3

<400> 288

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 289  
<211> 39  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-L1

<400> 289  
tctggaagca gctccaacat cggaagtaat tttgtaaac

39

<210> 290  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-L2

<400> 290  
actaataatc agcggcscctc a

21

<210> 291  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-L3

<400> 291  
gcaacatggg atgacagcct gaatggttgg gtg

33

<210> 292  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-L1

<400> 292

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 293  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-L2

<400> 293

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 294  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - CDR-L3

<400> 294

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 295  
<211> 39  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-L1

<400> 295  
tctggaagca gctccaacat cggaaagcaat tttgtaaac

39

<210> 296  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-L2

<400> 296  
actaataatc agcggcscctc a

21

<210> 297  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-L3

<400> 297  
gcaacatggg atgacagtat gaatgggttg gtg

33

<210> 298  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-L1

<400> 298

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 299  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-L2

<400> 299

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 300  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - CDR-L3

<400> 300

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 301  
<211> 39  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-L1

<400> 301  
tctggaagca gtcсаасат сggаaggаат ttтgтааас

39

<210> 302  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-L2  
  
<400> 302  
actaataatc agcggcscctc a 21

<210> 303  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-L3  
  
<400> 303  
gcagcatggg atgacagcct gaatggttgg gtg 33

<210> 304  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-L1  
  
<400> 304  
  
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 305  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-L2  
  
<400> 305  
  
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 306  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - CDR-L3  
  
<400> 306  
  
Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 307  
<211> 39  
<212> ДНК

<213> искусственная  
<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-L1  
<400> 307  
tctggaagcc gctccaacat cggaaagtaat tttgtaaac 39

<210> 308  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-L2  
<400> 308  
actaattatc agcggcscctc a 21

<210> 309  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-L3  
<400> 309  
gcagtatggg atgacagcct gaatggttgg gtg 33

<210> 310  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-L1  
<400> 310  
Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 311  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> 26F12, 27B3 - CDR-L2  
<400> 311  
Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 312  
<211> 11  
<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> 26F12, 27B3 - CDR-L3

<400> 312

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 313

<211> 39

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1 - CDR-L1

<400> 313

tctggaagcc gtcсаасаt сggааgтааt tttgтааас 39

<210> 314

<211> 21

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1 - CDR-L2

<400> 314

астаатаатс агсggссстс а 21

<210> 315

<211> 33

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1 - CDR-L3

<400> 315

gсagтаtggg атgасаgсст гаатggттgg gтg 33

<210> 316

<211> 13

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1 - CDR-L1

<400> 316

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 317

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1 - CDR-L2

<400> 317

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 318

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1 - CDR-L3

<400> 318

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 319

<211> 36

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 25G10 - CDR-L1

<400> 319

agggccagtc agagtgttag cagcagctac ttagcc

36

<210> 320

<211> 21

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 25G10 - CDR-L2

<400> 320

ggtgcatcca gcagggccac t

21

<210> 321

<211> 27

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 25G10 - CDR-L3

<400> 321

cagcagtatg gтаагсасс gтсаст

27

<210> 322

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25G10 - CDR-L1

<400> 322

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 323

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25G10 - CDR-L2

<400> 323

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 324

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25G10 - CDR-L3

<400> 324

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Leu Thr  
1 5

<210> 325

<211> 33

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 23A10 - CDR-L1

<400> 325

tctggagata gattggggga gaaatatggt tgc

33

<210> 326

<211> 21

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 23A10 - CDR-L2

<400> 326

caagataata agtggcctc a

21

<210> 327

<211> 27  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 23A10 - CDR-L3  
  
<400> 327  
caggcgtggg acagcagcac tgtggta

27

<210> 328  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 23A10 - CDR-L1  
  
<400> 328  
  
Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Cys  
1                   5                   10

<210> 329  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 23A10 - CDR-L2  
  
<400> 329

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1                   5

<210> 330  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 23A10 - CDR-L3  
  
<400> 330

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1                   5

<210> 331  
<211> 39  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> 19B5 - CDR-L1

<400> 331  
tctggaagca ggtccaacat cggaagcaat tttgtaaac

39

<210> 332  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-L2

<400> 332  
actaataatc agcggcctc a

21

<210> 333  
<211> 33  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-L3

<400> 333  
gsaacatggg atgacagtat gaatggttgg gtg

33

<210> 334  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-L1

<400> 334

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1                    5                    10

<210> 335  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-L2

<400> 335

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1                    5

<210> 336  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - CDR-L3

<400> 336

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val

1

5

10

<210> 337  
 <211> 366  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 17H8, 23B6, 28D10 - HCVR

<400> 337  
 caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acgtgcaactg tctctggtgg ctccatcaat agttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
 ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca ttgggagcac caactacaac 180  
 ccctccctca agagtcgctg caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccctgtatt actgtgagag agattcccgg 300  
 tatagaagtg gctggtacga tgcttttgat atctggggcc aagggacaat ggtcaccgtc 360  
 tcttca 366

<210> 338  
 <211> 122  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 17H8, 23B6, 28D10 - HCVR

<400> 338  
 Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
 20 25 30  
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
 100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 339  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - HCVR

<400> 339  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctgggtgg ctccatcagc agtagtgggtt actactggag ctggatccgc 120  
cagcaccag ggaagggcct ggagtggatt gggatcatct attacactgg gagcgcctac 180  
tacaaccgct ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gactgcccgc gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300  
ggaagcagtg gctggtactt ccagtattgg ggccagggca ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 340  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2, 5B4, 5C5 - HCVR

<400> 340

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

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 341  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - HCVR

<400> 341  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ttagtgtag cacaagctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
atacagctat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 342  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - HCVR

<400> 342

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



Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 343  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12, 27B3 - HCVR

<400> 343  
caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg catctagata caccttcacc aactactata tgtcctgggt gcgacaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta gtggtggtga ctcaacctac 180  
gcacagaagt tccagggcag actcacatg accggggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300  
atacaactat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 344  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12, 27B3 - HCVR

<400> 344

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

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 345  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - HCVR

<400> 345  
caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatgaca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaactaa tgaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca cttccaagaa cacgctgtat 240  
ttgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtat attactgtgc gagagaacga 300  
tattttgact ggtcttttga ctactggggc cagggaaacc tggtcagtgt ctctca 357

<210> 346  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - HCVR

<400> 346

Gln Val Gln Leu Val 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  
Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 347  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - HCVR

<400> 347  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatgaca tggactgggt cgcagact 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaggggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240  
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaaact 300  
ggggagggt ggtacttcga tctctggggc cgtggcacc tggtcactgt ctcctca 357

<210> 348  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - HCVR

<400> 348

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

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 349  
<211> 354  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - HCVR

<400> 349  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt catcttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagact 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtg atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca tttccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggg 300  
tgggagctgt cctttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 350  
<211> 118  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16E2, 17E10, 20B12 - HCVR

<400> 350

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

Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 351  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1D10, 2C12 - HCVR

<400> 351  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtgtcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgcdc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactacagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcacctgtct cctca 375

<210> 352  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1D10, 2C12 - HCVR

<400> 352

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Val Ile Trp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met

100

105

110

Asp	Val	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser
		115					120				125	

<210> 353  
 <211> 360  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 16C1 - HCVR

<400> 353  
 caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acttgactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
 ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca ttgggagcac caactacaac 180  
 ccctccctca agagtcgagt caccatgtca atagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 acgctgagct ctttgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt tctgtgcgag agatgggagc 300  
 agtggctggt accggtggtt cgaccctgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360

<210> 354  
 <211> 120  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 16C1 - HCVR

<400> 354

Gln	Val	Gln	Leu	Gln	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Leu	Val	Lys	Pro	Ser	Glu
1			5						10					15	

Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Cys	Thr	Val	Ser	Gly	Gly	Ser	Ile	Ser	Gly	Tyr
			20					25					30		

Tyr	Trp	Ser	Trp	Ile	Arg	Gln	Pro	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Ile
		35					40					45			

Gly	Tyr	Ile	Tyr	Tyr	Ile	Gly	Ser	Thr	Asn	Tyr	Asn	Pro	Ser	Leu	Lys
	50					55					60				

Ser	Arg	Val	Thr	Met	Ser	Ile	Asp	Thr	Ser	Lys	Asn	Gln	Phe	Ser	Leu
65					70					75					80

Thr	Leu	Ser	Ser	Leu	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Phe	Cys	Ala
				85					90					95	

Arg	Asp	Gly	Ser	Ser	Gly	Trp	Tyr	Arg	Trp	Phe	Asp	Pro	Trp	Gly	Gln
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

100

105

110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 355  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25G10 - HCVR

<400> 355  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca ttgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatgtca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag agatgggagc 300  
agtggctggt accggtggtt cgaccctgg ggcagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 356  
<211> 360  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25G10 - HCVR

<400> 356

Cys Ala Gly Gly Thr Gly Cys Ala Gly Cys Thr Gly Cys Ala Gly Gly  
1 5 10 15

Ala Gly Thr Cys Gly Gly Gly Cys Cys Cys Ala Gly Gly Ala Cys Thr  
20 25 30

Gly Gly Thr Gly Ala Ala Gly Cys Cys Thr Thr Cys Gly Gly Ala Gly  
35 40 45

Ala Cys Cys Cys Thr Gly Thr Cys Cys Cys Thr Cys Ala Cys Cys Thr  
50 55 60

Gly Cys Ala Cys Thr Gly Thr Cys Thr Cys Thr Gly Gly Thr Gly Gly  
65 70 75 80

Cys Thr Cys Cys Ala Thr Cys Ala Gly Thr Gly Gly Thr Thr Ala Cys  
85 90 95

Thr Ala Cys Thr Gly Gly Ala Gly Cys Thr Gly Gly Ala Thr Cys Cys

100

105

110

Gly Gly Cys Ala Gly Cys Cys Cys Cys Ala Gly Gly Gly Ala Ala  
115 120 125

Gly Gly Gly Ala Cys Thr Gly Gly Ala Gly Thr Gly Gly Ala Thr Thr  
130 135 140

Gly Gly Gly Thr Ala Thr Ala Thr Cys Thr Ala Thr Thr Ala Cys Ala  
145 150 155 160

Thr Thr Gly Gly Gly Ala Gly Cys Ala Cys Cys Ala Ala Cys Thr Ala  
165 170 175

Cys Ala Ala Cys Cys Cys Thr Cys Cys Cys Thr Cys Ala Ala Gly  
180 185 190

Ala Gly Thr Cys Gly Ala Gly Thr Cys Ala Cys Cys Ala Thr Gly Thr  
195 200 205

Cys Ala Gly Thr Ala Gly Ala Cys Ala Cys Gly Thr Cys Cys Ala Ala  
210 215 220

Gly Ala Ala Cys Cys Ala Gly Thr Thr Cys Thr Cys Cys Cys Thr Gly  
225 230 235 240

Ala Ala Gly Cys Thr Gly Ala Gly Cys Thr Cys Thr Gly Thr Gly Ala  
245 250 255

Cys Cys Gly Cys Thr Gly Cys Gly Gly Ala Cys Ala Cys Gly Gly Cys  
260 265 270

Cys Gly Thr Gly Thr Ala Thr Thr Ala Cys Thr Gly Thr Gly Cys Gly  
275 280 285

Ala Gly Ala Gly Ala Thr Gly Gly Gly Ala Gly Cys Ala Gly Thr Gly  
290 295 300

Gly Cys Thr Gly Gly Thr Ala Cys Cys Gly Gly Thr Gly Gly Thr Thr  
305 310 315 320

Cys Gly Ala Cys Cys Cys Thr Gly Gly Gly Gly Cys Cys Ala Gly  
325 330 335

Gly Gly Ala Ala Cys Cys Cys Thr Gly Gly Thr Cys Ala Cys Cys Gly  
340 345 350

Thr Cys Thr Cys Cys Thr Cys Ala



<210> 357  
 <211> 375  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 16A4 - HCVR

<400> 357  
 caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggcgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcaactg tctctggtga ctccatcact agttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
 ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caattacaac 180  
 ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagtt ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag agatcaaagg 300  
 cggatagcag cagctggtac ccacttctac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
 gtcaccgtct cctca 375

<210> 358  
 <211> 125  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 16A4 - HCVR

<400> 358  
 Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
 20 25 30  
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 359  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - HCVR

<400> 359  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctgggtg ctccatcagc agtgggtggtt actactggag ctggatccgc 120  
cagcaccsag ggaagggcct ggagtggatt gggatcatct attacagtgg gagcacctac 180  
tacaaccsct ccctcacgag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300  
ggaagcagtg gctggtactt ccagcactgg ggcagggca ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 360  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - HCVR

<400> 360

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

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 361  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - HCVR

<400> 361  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctgggtg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaaagg gactggagtg gtttgcatat ttctcttaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccttatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactggggc 300  
ttccactttg acttctgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 362  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - HCVR

<400> 362

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

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 363  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 - HCVR

<400> 363  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactgggccc 300  
ttccactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 364  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 - HCVR

<400> 364

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

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 365  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - HCVR

<400> 365  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggggtt 60  
tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttactgggtt acgccaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ttagtggttag cacaagctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
atacagctat ggttacattt ggactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctctctca 360

<210> 366  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1 - HCVR

<400> 366

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 367  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - HCVR

<400> 367  
caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag ggcttgaatg gatgggaatt atcaacccta ttagtgtag cacaagctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
atacagctat ggttacattt ggactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctctca 360

<210> 368  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - HCVR

<400> 368

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 369  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - HCVR

<400> 369  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg catctggata caccttcacc agctactata ttactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag gacttgagtg gatgggaata atcaacccca gtggtggttag cacaaggtag 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgaggggga 300  
atacagctat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 370  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 - HCVR

<400> 370

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

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 371  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - HCVR

<400> 371  
caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgtaagg catctagata caccttcacc agctactata tgtcctgggt gcgacaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atccacccta gtggtggtga cacaacctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accggggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300  
ataaaactat ggttacattt tgactattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 372  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - HCVR

<400> 372

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



Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 373  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D2- -HCVR

<400> 373  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agttatgaca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaactaa tgaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca cttccaagaa cacgctgtat 240  
ttgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtat attactgtgc gagagaacga 300  
tattttgact ggtcttttga ctactggggc cagggaaacc tggtcagtgt ctctca 357

<210> 374  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D2- -HCVR

<400> 374

Gln Val Gln Leu Val 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  
Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 375  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - HCVR

<400> 375  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatgaca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccacgaa cacgctgcat 240  
ctgcaaatga acagcccagag agccgaggac acggctgtgt actactgtgc gagagagtat 300  
aggtacagct ggtactttga ctactggggc cagggaaacc tggtcaccgt ctctca 357

<210> 376  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - HCVR

<400> 376

Gln Val Gln Leu Val 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  
Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Trp 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 Thr Asn Thr Leu His  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Pro Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Glu Tyr Arg Tyr Ser Trp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 377  
<211> 363  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - HCVR

<400> 377  
gagggtgсаас tggttgagtc tgggggaggc ttggtacagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagc agttatgcca tgaactgggt cgcagggt 120  
ccaggaagg ggctggagtg ggtctcaact attagtgggt gtggtgctaa cacatactac 180  
gcagactccg tgaagggccg gttcaccatc tccagtgaca attccaagag cacgctgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggccgtat atcactgtgc gaaaggggga 300  
atgggggggat actactacgg tatggacgtc tggggccaag ggaccacggt caccgtctcc 360  
tca 363

<210> 378  
<211> 121  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - HCVR

<400> 378

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

100

105

110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 379  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - HCVR

<400> 379  
cagggtgcagc tgggtggagtc tggggggaggc gtgggtccagc ctggggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtgtcagtt atatgggatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgcgc gagaagggcc 300  
gggtataatag gaactacagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcacctgtc cctca 375

<210> 380  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - HCVR

<400> 380

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Val Ile Trp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 381  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - HCVR

<400> 381  
cagggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
acagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggтатаатag gaactacagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct cctca 375

<210> 382  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - HCVR

<400> 382

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Thr 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 115 120 125

<210> 383  
 <211> 375  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 2G6\_LC#1 - HCVR

<400> 383  
 caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
 tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
 ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
 gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
 ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
 ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
 gtcaccgtct cctca 375

<210> 384  
 <211> 125  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 2G6\_LC#1 - HCVR

<400> 384

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 385  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - HCVR

<400> 385  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggagggc gtgggtccagc ctgggagggc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
acagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactacagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct cctca 375

<210> 386  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - HCVR

<400> 386

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Thr Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr





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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 389  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - HCVR

<400> 389  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggagggc gtgggtccagc ctgggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatgggatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgctaataga acagcctgag agccgaggac tccgctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggatatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccaacg 360  
gtcaccgtct cctca 375

<210> 390  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 - HCVR

<400> 390

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 391  
<211> 369  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 5E3 - HCVR

<400> 391  
gaggtgcagt tgggtggagtc tggggggaggc ctgggtcaagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggaagg ggctggagtg ggtctcatcc attagtagta gtagtagtta catatactac 180  
gcagactcag tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaggggaa 300  
actggaacta actactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctca 369

<210> 392  
<211> 123  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 5E3 - HCVR

<400> 392

Glu 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 Ser Tyr  
20 25 30

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

Ser Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ser Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser 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 Arg Gly Glu Thr Gly Thr Asn Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 393  
<211> 327  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 -LCVR

<400> 393  
gacattgtat tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgttgcc ggcagctacc tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctct ggtgcatcca gcagggccac tggcatocca 180  
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta aatcaccgat caccttgggc 300  
caagggasac gactggagat gaaagga 327

<210> 394  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8, 23B6, 28D10 -LCVR

<400> 394

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Gly  
100 105

<210> 395

<211> 324

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A2, 5B4, 5C5 - LCVR

<400> 395

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcttgca gggccagtcg gaatattagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtccatcca gcagggccac tggcatccca 180  
gacaggttca gtggcagtggt gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttacagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcattcac tttcggcoct 300  
gggaccaaaag tggatatcaa acga 324

<210> 396

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A2, 5B4, 5C5 - LCVR

<400> 396

Glu Ile Val 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 Arg Asn Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Thr Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 397  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - LCVR

<400> 397  
cagtctgcgc tgactcagcc accctcagcg actgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agtaattttg taaactggta caaacaactc 120  
ccaggaacgg cccccaagt cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg agtctgatta ttactgtgca acatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 398  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16H2, 20D3, 23E7 - LCVR

<400> 398

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 399  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12, 27B3 - LCVR

<400> 399  
cagtctgtgc tgactcagtc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagaa ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagccgctc caacatcgga agtaattttg taaactggta ccagcagctc 120  
ccaggaacgg cccssaaact cctcatctat actaattatc agcggcctc aggggtcctt 180  
gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gtatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 400  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12, 27B3 - LCVR

<400> 400

Gln Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 401  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - LCVR

<400> 401  
gaaattgtat tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgtttagc aacacctact tagcctggta ccatcagaga 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180  
gacagattca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcgctc tcaccatcag cagtctggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtacagta actcgtggac gttcggccaa 300  
gggaccaagg tggaatcaa асга 324

<210> 402  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10, 4C2 - LCVR

<400> 402

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ala Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 403  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - LCVR

<400> 403  
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgtttagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180  
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggaa 240  
cctgaggatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcgtggac gttcggccaa 300  
gggaccaagg tggaatcaa асга 324

<210> 404  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D3, 4F3 - LCVR

<400> 404

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 405  
<211> 324  
<212> ДНК



<213> искусственная

<220>

<223> 16E2, 17E10, 20B12 - LCVR

<400> 405

gacatccaga tgaccsagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60  
atcacttgtc gggcgagtca gggcattagc aattatttag cctgggtaca gcagaaacca 120  
gggaaagccc ctaagtcctt gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180  
aagttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240  
gaagattttg caacttatta ctgccaacac tattttactt accctcggac gttcggccaa 300  
gggaccaagg tggaatcaa асга 324

<210> 406

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16E2, 17E10, 20B12 - LCVR

<400> 406

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30

Leu Ala Trp Leu Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile  
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Lys 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 His Tyr Phe Thr Tyr Pro Arg  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 407

<211> 321

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 1D10, 2C12 - LCVR

<400> 407  
 tcctatgctg tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcctc 60  
 acctgctctg gagatagatt gggggaaaaa tatacttgct ggtatcagca gaggccaggc 120  
 cagtcccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
 ttctctggct ccacctctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
 gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
 accaagctga ccgtcctagg t 321

<210> 408  
 <211> 107  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> 1D10, 2C12 - LCVR

<400> 408  
 Ser Tyr Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15  
 Thr Ala Ser Leu Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
 20 25 30  
 Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
 35 40 45  
 Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60  
 Thr Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
 65 70 75 80  
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
 85 90 95  
 Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
 100 105

<210> 409  
 <211> 327  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> 16C1 - LCVR

<400> 409  
 gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagcca gagtggttagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatcttt ggtgcatcca gcagggccac tggcatocca 180  
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cggactggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgta tcaactgtcag cagtatggta actcaccgct cactttcggc 300  
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 410  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 16C1 - LCVR

<400> 410

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 411  
<211> 327  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 25G10 - LCVR

<400> 411

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtggttagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatcttt ggtgcatcca gcagggccac tggcatocca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
 cctgaagatt ttgcagtgta tcaactgtcag cagtatggta actcaccgct cactttcggc 300  
 ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 412  
 <211> 109  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 25G10

<400> 412

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
 85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
 100 105

<210> 413  
 <211> 327  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 16A4 - LCVR

<400> 413

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
 ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagttatt tagcctggta ccagcagaaa 120  
 cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtacatcca gcagggccac tggcatccca 180  
 gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
 cctgaagatt ttgcagtgta ttattgtcag cagtacggta gctcaccttt cactttcggc 300

<210> 414  
 <211> 109  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 16A4 - LCVR

<400> 414

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
 85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
 100 105

<210> 415  
 <211> 324  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 1F10 - LCVR

<400> 415

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
 ctctcctgca gggccagtcg gagtattagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
 cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtccatcca gcagggccac tggcatocca 180  
 gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
 cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcattcac tttcggccct 300  
 gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 416

<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 1F10 - LCVR

<400> 416

Glu Ile Val 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 Arg Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 417  
<211> 336  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 - LCVR

<400> 417

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc caggacagag ggtcaccatc 60  
tcctgactg ggagcagctc caacatcggg acaggttatg ctgtacactg gtaccagcag 120  
tttcaggaa cagccssaa actcctcatc tatggtaaca acaatcggcc ctcaggggtt 180  
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240  
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagact gagtggttgg 300  
gtgttcggcg gaggaccaa gctgaccgtc ctaggt 336

<210> 418  
<211> 112  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> 4A9 - LCVR

<400> 418

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 419

<211> 336

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 - LCVR

<400> 419

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc 60  
tctgcactg ggagcagctc caatatcggg acaggttatg atgtacactg gtatcagcag 120  
cttcaggaa cagccccaa actcctcatc catggtaaca gcaatcggcc ctcaggggctc 180  
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240  
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagtct gagtggttgg 300  
gtgttcggcg gagggaccag gttgaccgtc ctaggt 336

<210> 420

<211> 112

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 - LCVR

<400> 420

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 421

<211> 333

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 22D1 - LCVR

<400> 421

cagtctgcgc tgactcagcc accctcagcg actgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60

tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agcaattttg taaactggta caagcagctc 120

ccaggaacgg cccccaagt cctcatctat actaataatc agcggcctc aggggtccct 180

gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240

tctgaggatg agtctgatta ttactgtgca acatgggatg acagtatgaa tggttggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 422

<211> 111

<212> БЕЛЮК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 22D1 - LCVR

<400> 422

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15



Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 423  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - LCVR

<400> 423  
cagtctgcg c tgactcagcc accctcaacg actgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagcaggtc caacatcgga agcaattttg taaactggta caagcagctc 120  
ccaggaacgg cccccaaagt cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg agtctgatta ttactgcgca acatgggatg acagtatgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccsaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 424  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 - LCVR

<400> 424

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 425

<211> 333

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 25F8 - LCVR

<400> 425

cagtctgctg tgactcagcc accctcagcg actgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60

tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga aggaattttg taaactggta taagcagctc 120

ccaggaacgg cccccaagt cctcatttat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180

gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240

tctgaggatg agtctgatta ttactgtgca gcatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 426

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25F8 - LCVR

<400> 426

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 427  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - LCVR

<400> 427  
cactctgtgc tgaactcagtc accctcagcg tctgggaccc ccggacagag ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagccgctc caacatcgga agtaattttg taaactggta ccagcagctc 120  
ccaggaacgg cccssaaact cctcatctat actaataatc agcggcctc aggggtccct 180  
gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gtatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 428  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 - LCVR

<400> 428

His Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 429  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D2 - LCVR

<400> 429  
gaaattgtat tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgtagc aacacctact tagcctggta ccatcagaga 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccgc tggcatocca 180  
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatagta actcgtggac gttcggccaa 300  
gggaccaagg tggaaatcaa асга 324

<210> 430  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4D2 - LCVR

<400> 430

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 431  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - LCVR

<400> 431  
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgttggc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggtcac tggcatccca 180  
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gatttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatagta actcgtggac gttcggccaa 300  
gggaccaagg tggaaatcaa асга 324

<210> 432  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4E10 - LCVR

<400> 432

Glu Ile Val 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 Gly Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

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

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 433  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - LCVR

<400> 433  
gaaatagtga tgacgcagtc tccagtcacc ctgtctctgt ctctagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtattagc agcaacttag cctgggtcca gcagaaacct 120  
ggccaggctc ccagactcct catctatggt gcatttacca gggccactgg tatcccagcc 180  
agggtcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240  
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataattact ggccgctcac tttcggcgga 300  
gggaccaagg tggagatcaa gcga 324

<210> 434  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 - LCVR

<400> 434

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 435  
<211> 339  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - LCVR

<400> 435  
gatgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgta cccttgga gccggcctcc 60  
atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgaattgg 120  
tttcagcaga ggscaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taactgggac 180  
tctgggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240  
agcaggggtgg aggctgagga tgttgggggtt tattactgca tgcaagggtat agtgtggccg 300  
tgcagttttg gccaggggac caagctggag atcaaacga 339

<210> 436  
<211> 113  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2C12\_LC#1 - LCVR

<400> 436

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser  
20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Asn Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser  
35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro  
50 55 60

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

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly  
85 90 95

Ile Val Trp Pro Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

Arg

<210> 437  
<211> 339  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - LCVR

<400> 437  
gatgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaaca gccggcctcc 60  
atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgaattgg 120  
tttcagcaga ggscaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taactgggac 180  
tctgggggtcc cagacagaat cagcggcagt gggtcaggca ccgatttcac actgaaaatc 240  
agcaggggtgg aggctgagga tgttgggggtt tattactgca tgcaagatac actgtggccg 300  
tgcagttttg gccaggggac caagctggag atcaaacga 339

<210> 438  
<211> 113  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12\_LC#2 - LCVR

<400> 438

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser  
20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Asn Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser  
35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro  
50 55 60

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

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Asp  
85 90 95

Thr Leu Trp Pro Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

Arg



<210> 439  
<211> 339  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - LCVR

<400> 439  
gatgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60  
atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgaattgg 120  
tttcagcaga ggscaggcca atctccacgg cgcctaattt atcaggtttc taactgggac 180  
tctgggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240  
agcaggggtgg aggctgagga tgttgggatt tattactgca tgcaagatac actgtggccg 300  
tgcagttttg gccaggggac caagctggag atcaaacga 339

<210> 440  
<211> 113  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6\_LC#1 - LCVR

<400> 440

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser  
20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Asn Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser  
35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Gln Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro  
50 55 60

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

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Asp  
85 90 95

Thr Leu Trp Pro Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

Arg

<210> 441  
<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - LCVR

<400> 441  
tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagatt gggggaaaaa tatacttgct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtccscctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccagcctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtcctagg t 321

<210> 442  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2H12 - LCVR

<400> 442

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Pro Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 443  
<211> 321  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - LCVR

<400> 443

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatacttgct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtccccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat cctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtcctagg t 321

<210> 444

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 - LCVR

<400> 444

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

<210> 445

<211> 321

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 23A10 - LCVR

<400> 445  
 tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
 acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgtttgct ggtatcagca gaagccaggc 120  
 cagtccccta tactggatcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 180  
 ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
 gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 300  
 accaagctga ccgtcctagg t 321

<210> 446  
 <211> 107  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 23A10 - LCVR

<400> 446  
 Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15  
 Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
 20 25 30  
 Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
 35 40 45  
 Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60  
 Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
 65 70 75 80  
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
 85 90 95  
 Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
 100 105

<210> 447  
 <211> 321  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 5E3 - LCVR

<400> 447  
 tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagataaatt gggggatgaa tatgcttgct ggtatcagca gaagccaggc 120  
cagtcacctg tgctggatcat ctatcaagat agcaagcggc cctcagggat ccttgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtcctagg t 321

<210> 448  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 5E3 - LCVR

<400> 448

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Glu Tyr Ala  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 449  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 4F3 VH

<400> 449

Gln Val Gln Leu Val 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 Ser Phe Ser Ser Tyr

20

25

30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 450  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 4A9 VH

<400> 450

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 451  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10 VH

<400> 451

Gln Val Gln Leu Val 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

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 452  
<211> 122  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 VH

<400> 452

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 453  
<211> 120  
<212> БЕЛЮК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1.1 VH

<400> 453

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Thr Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser



115

120

<210> 454  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 16A4.1 VH

<400> 454

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 455  
<211> 121  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 22G10.1 VH

<400> 455

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35

40

45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 456  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 20D3.1 VH

<400> 456

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 457  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1.1 VH

<400> 457

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 458  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8.1 VH

<400> 458

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 459  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 26F12.1 VH

<400> 459

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 460

<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1.1 VH

<400> 460

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 461  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25G10.1 VH

<400> 461

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50

55

60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 462  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5.1 VH

<400> 462

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 463  
<211> 120  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A2 VH

<400> 463

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 464

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P) VH

<400> 464

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 465  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 VH

<400> 465

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 466  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная



<220>

<223> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P) VH

<400> 466

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 467

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 4A2 (1-472) (Q17E,H47P,D111E) VH

<400> 467

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe



<400> 469

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 470

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 4F3 (1-471) (R17G) VH

<400> 470

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 471  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F3 (1-471) (R17G,T47A) VH

<400> 471

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 472  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,R141Q) VH

<400> 472

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 473  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,R141Q) VH

<400> 473

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 474

<211> 119

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,W134Y,R141Q) VH

<400> 474

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Tyr Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 475

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 (1-477) (R17G,D61E,D72E,K94N) VH

<400> 475

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly



Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 477  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1.1 (1-469) (T92K) VH

<400> 477

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 478  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1.1 (1-469) (T92K,D109E) VH

<400> 478

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15



Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 479

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 16C1.1 (1-469) (T92K,W132Y,W135Y) VH

<400> 479

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Arg Tyr Phe Asp Pro Trp Gly Gln

100

105

110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 480  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1.1 (1-469) (T92K) VH

<400> 480

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 481  
<211> 122  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 VH

<400> 481

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr

20

25

30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 482  
<211> 122  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 17H8.2 (1-471) (D109E) VH

<400> 482

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 483  
<211> 122  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 (1-471) (D109E,W132Y) VH

<400> 483

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Tyr Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 484  
<211> 122  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 (1-471) (D109E) VH

<400> 484

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 485  
<211> 116  
<212> БЕЛЮК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 VH

<400> 485

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 486  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 4F7 VH

<400> 486

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 487  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 4F7 (1-468) (W113Y) VH

<400> 487

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35

40

45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Tyr Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 488  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10 (1-471) (R17G,D61E,D72E,W134Y) VH

<400> 488

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Tyr Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 489  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10 VH

<400> 489

Gln Val Gln Leu Val 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

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 490  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10 (1-471) (R17G) VH

<400> 490

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 491

<211> 119

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4B10 (1-471) (R17G,D61E,D72E) VH

<400> 491

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 492

<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 VH

<400> 492

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 493  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 (1-468) (F55I,A56G) VH

<400> 493

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50

55

60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 494  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 (1-468) (F55I,A56G) VH

<400> 494

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 495  
<211> 116  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A9 (1-468) (F55I,A56G,W113Y) VH

<400> 495

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Tyr Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 496

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 20D3.1 VH

<400> 496

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 497  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 20D3.1 VH

<400> 497

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 498  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> 20D3.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 498

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 499

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 20D3.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 499

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe



<400> 501

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 502

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10.1 (1-470) (A99E,H105Y) VH

<400> 502

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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



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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 503

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10.1 (1-470) (A99E) VH

<400> 503

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 504

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10.1 (1-470) (A99E) VH

<400> 504

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 505  
<211> 121  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10.1 (1-470) (D72E,A99E) VH

<400> 505

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr His Cys

85

90

95

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 506

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10.1 (1-470) (H105Y) VH

<400> 506

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 507

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16A4.1 (1-474) (T144L) VH

<400> 507

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

1                    5                    10                    15  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
                   20                    25                    30  
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
                   35                    40                    45  
 Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
                   50                    55                    60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65                    70                    75                    80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
                   85                    90                    95  
 Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
                   100                    105                    110  
 Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
                   115                    120                    125  
  
 <210> 508  
 <211> 120  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
  
 <220>  
 <223> 19B5.1 VH  
  
 <400> 508  
  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1                    5                    10                    15  
  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
                   20                    25                    30  
  
 Phe Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
                   35                    40                    45  
  
 Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
                   50                    55                    60  
  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65                    70                    75                    80  
  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   85                    90                    95

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 509  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 509

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 510  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5.1 VH

<400> 510

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 511  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 19B5.1 VH

<400> 511

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln

100

105

110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 512  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 512

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 513  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10.3 (1-474) (L92Q) VH

<400> 513

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr

20

25

30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 514  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10.3 (1-474) (R17G,L92Q) VH

<400> 514

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110



Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 515  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10.3 (1-474) (R17G,D61E,D72E,L92Q) VH  
<400> 515

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 516  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10.3 VH  
<400> 516

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 517  
<211> 120  
<212> БЕЛЮК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25G10.1 VH

<400> 517

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 518  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 25G10.1 (1-469) (D109E,W132Y,W135Y) VH

<400> 518

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Arg Tyr Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 519  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 26D1.1 VH

<400> 519

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 520  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1.1 VH

<400> 520

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 521  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1.1 VH

<400> 521

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 522  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1.1 VH

<400> 522

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 523  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 523

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 524

<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1.1 (1-469) (R27G,G82R) VH

<400> 524

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 525  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12.1 VH

<400> 525

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe

50

55

60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 526  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12.1 VH

<400> 526

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 527  
<211> 120  
<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> 26F12.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 527

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 528

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26F12.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 528

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 529  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8.1 VH

<400> 529

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 530  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> 25F8.1 VH

<400> 530

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 531

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 25F8.1 (1-469) (F90Y) VH

<400> 531

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65                         70                         75                         80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                              85                         90                         95

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
                              100                         105                         110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
                              115                         120

<210> 532  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8.1 (1-469) (F90Y) VH

<400> 532

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1                         5                         10                         15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
                              20                         25                         30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
                              35                         40                         45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50                         55                         60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65                         70                         75                         80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100                         105                         110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115                         120

<210> 533  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8.1 (1-469) (F90Y,W133Y) VH

<400> 533

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 534

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 22D1.1 VH

<400> 534

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 535  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1.1 VH

<400> 535

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 536  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 536

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 537  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1.1 (1-469) (W133Y) VH

<400> 537

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 538  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1.1 (1-469) (F90Y) VH

<400> 538

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 539  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 VH

<400> 539

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





Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 541  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 (1-477) (R17G,K94N) VH

<400> 541

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 542  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 (1-477) (D61E,D72E) VH

<400> 542

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 543

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 2G6 (1-477) (R17G) VH

<400> 543

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met

100

105

110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 544  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F3 VL

<400> 544

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 545  
<211> 112  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 VL

<400> 545

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu

35

40

45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 546

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4B10 VL

<400> 546

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ala Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 547

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 17H8.2 VL

<400> 547

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Gly  
100 105

<210> 548

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16C1.1 VL

<400> 548

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 549  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4.1 VL

<400> 549

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 550  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10.1 VL

<400> 550

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 551

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 20D3.1 VL

<400> 551

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 552

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22D1.1 VL

<400> 552



Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 553

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 25F8.1 VL

<400> 553

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

100

105

110

<210> 554  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 26F12.1 VL

<400> 554

Gln Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 555  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 26D1.1 VL

<400> 555

His Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50

55

60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 556  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25G10.1 VL

<400> 556

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 557  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5.1 VL

<400> 557

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln

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

<210> 558  
 <211> 108  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 4A2 (1-236) (N30Q) VL

<400> 558

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

<210> 559  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 (1-236) (N30Q,T102A,P141Q) VL

<400> 559

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 560  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 (1-236) (N30Q,T102A) VL

<400> 560

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 561  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 (1-236) (N30Q,T102A) VL

<400> 561

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 562  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 (1-236) (N30Q,T102A,P141Q) VL

<400> 562

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 563

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A2 (1-236) (N30Q,T102A,P141Q) VL

<400> 563

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 564

<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 (1-236) (R29Q,N30S) VL

<400> 564

Glu Ile Val 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 Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Thr Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg  
100 105

<210> 565  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F3 VL

<400> 565

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu



65

70

75

80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 566

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F3 VL

<400> 566

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 567

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F3 VL

<400> 567

Glu Ile Val 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 Ser Ser

20

25

30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 568  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F3 VL

<400> 568

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 569  
<211> 108  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F3 VL

<400> 569

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 570

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL

<400> 570

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 571  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL

<400> 571

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 572  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL

<400> 572

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 573  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL

<400> 573

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 574  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL

<400> 574

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 575

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16C1.1 (1-235) (G95R,H105Y,G141Q) VL

<400> 575

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro

85

90

95

Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 576  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 (1-235) (G149R) VL

<400> 576

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Arg  
100 105

<210> 577  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 (1-235) (G149R) VL

<400> 577

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35

40

45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Arg  
100 105

<210> 578  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 (1-235) (G149R) VL

<400> 578

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Arg  
100 105

<210> 579  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8.2 (1-235) (S57Y,G149R) VL



<400> 579

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Arg  
100 105

<210> 580

<211> 112

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 (1-239) (H57Y) VL

<400> 580

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 581  
<211> 112  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 (1-239) (H57Y,D110E) VL

<400> 581

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Glu Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 582  
<211> 112  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F7 (1-239) (D110E) VL

<400> 582

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Glu Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 583  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL

<400> 583

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 584  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL

<400> 584

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 585

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL

<400> 585

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg

100

105

<210> 586  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL

<400> 586

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 587  
<211> 112  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 (1-239) (F47L) VL

<400> 587

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

50

55

60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 588

<211> 112

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A9 (1-239) (F47L) VL

<400> 588

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 589

<211> 112

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A9 (1-239) (F47L, D110E) VL

<400> 589

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln



<210> 591  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 20D3.1 (1-235) (S102A) VL

<400> 591

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 592  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 592

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60



Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 593

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 593

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 594

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL

<400> 594

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 595  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 20D3.1 (1-235) (W109Y) VL

<400> 595

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 596

<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10.1 VL

<400> 596

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 597  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10.1 VL

<400> 597

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

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

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser



20

25

30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 600

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10.1 (1-234) (V78F,Q97E,S98P) VL

<400> 600

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 601

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10.1 VL

<400> 601

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 602

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 16A4.1 (1-235) (G141Q) VL

<400> 602

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 603  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 603

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 604  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 604

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 605

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 19B5.1 (1-235) (T11V,K45Q,S102A) VL

<400> 605

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 606

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная



<220>

<223> 19B5.1 (1-235) (T11V,K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL

<400> 606

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 607

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 19B5.1 (1-235) (T11V,K45Q,S102A,W109Y,D111E,N135Q) VL

<400> 607

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met

85

90

95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 608  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10.3 (1-231) (C42S) VL

<400> 608

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 609  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10.3 (1-231) (C42S) VL

<400> 609

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr

35

40

45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 610

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 23A10.3 (1-231) (C42S,D110E) VL

<400> 610

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 611

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 23A10.3 (1-231) (C42Y) VL

<400> 611

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 612

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25G10.1 (1-235) (H105Y) VL

<400> 612

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 613  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25G10.1 (1-235) (H105Y) VL

<400> 613

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg  
100 105

<210> 614  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1.1 (1-235) (S7P) VL

<400> 614

His Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 615

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P) VL

<400> 615

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 616

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y) VL

<400> 616

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 617

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL

<400> 617

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

100

105

110

<210> 618  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL

<400> 618

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 619  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P) VL

<400> 619

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser



50

55

60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 620

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26F12.1 (1-235) (S7P) VL

<400> 620

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 621

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL

<400> 621

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

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

<210> 622

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL

<400> 622

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

<210> 623  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12.1 (1-235) (S7P,W109Y,D111E,N135Q) VL

<400> 623

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 624  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8.1 (1-235) (K45Q) VL

<400> 624

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 625

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 625

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 626

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 626

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 627

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E) VL

<400> 627

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 628

<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q) VL

<400> 628

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 629  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 629

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln



20

25

30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 632

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,W109Y) VL

<400> 632

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 633

<211> 111

<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL

<400> 633

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 634

<211> 112

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 VL

<400> 634

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

<210> 635  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 (1-234) (D110E) VL

<400> 635

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 636  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL

<400> 636

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 637

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL

<400> 637

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 638

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 23A10.3 (1-231) (C42S) VL

<400> 638

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 639

<211> 1368

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 HC

<400> 639

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagtgcctc caccaagggc ccatcggctt tccccctggc accctcctcc 420  
aagagcacct ctgggggcac agcggccctg ggctgcctgg tcaaggacta cttccccgaa 480  
ccggtgacgg tgtcgtggaa ctcagggccc ctgaccagcg gcgtgcacac cttccccgct 540  
gtcctacagt cctcaggact ctactccctc agcagcgtgg tgaccgtgcc ctccagcagc 600  
ttgggcaccc agacctacat ctgcaacgtg aatcacaagc ccagcaacac caaggtggac 660

aagaaagttg agcccaaadc ttgtgacaaa actcacacacat gccccaccgtg cccagcacct 720  
gaactcctgg ggggaccgtc agtcttcttc tccccccaa aaccaagga caccctcatg 780  
atctcccgga ccctgaggt cacatgcgtg gtggtggacg tgagccacga agaccctgag 840  
gtcaagttca actggtacgt ggacggcgtg gaggtgcata atgccaagac aaagccgagg 900  
gaggagcagt acaacagcac gtaccgtgtg gtcagcgtcc tcaccgtcct gcaccaggac 960  
tggtggaatg gcaaggagta caagtgcaag gtctccaaca aagccctccc agccccatc 1020  
gagaaaacca tctccaaagc caaagggcag ccccgagaac cacaggtgta caccctgccc 1080  
ccatcccggg aggagatgac caagaaccag gtcagcctga cctgcctggt caaaggcttc 1140  
tatcccagcg acatcgccgt ggagtgggag agcaatgggc agccggagaa caactacaag 1200  
accagcctc ccgtgctgga ctccgacggc tccttcttcc tctatagcaa gtcaccgtg 1260  
gacaagagca ggtggcagca ggggaacgtc ttctcatgct ccgtgatgca tgaggctctg 1320  
cacaaccact acacgcagaa gagcctctcc ctgtctccgg gtaaata 1368

<210> 640  
<211> 455  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 2G6 HC

<400> 640

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr

115

120

125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
 130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
 145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
 165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
 180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
 195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
 210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
 225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
 245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
 260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
 275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
 290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
 305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
 325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
 340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
 355 360

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

370

375

380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 641  
<211> 1353  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 HC

<400> 641  
cagggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagtggtt actactggag ctggatccgc 120  
cagcaccag ggaagggcct ggagtggatt gggtagatct attacactgg gagegcctac 180  
tacaaccgct ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300  
ggaagcagtg gctggtactt ccagtattgg ggccagggca ccctggtcac cgtctctagt 360  
gcctccacca agggcccacg ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420  
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480  
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 540  
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
aaatcttctg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720  
ccgtcagctt tcctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcattgatctc ccggaccct 780  
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtctctgacc aggactggct gaatggcaag 960

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
 aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080  
 atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
 gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
 ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
 cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacag 1320  
 cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 642  
 <211> 450  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 4A2 HC

<400> 642

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
 20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
 50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
 65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
 85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160



Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 643  
<211> 1341  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 HC

<400> 643  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaaagg gactggagtg gtttgcatat ttctcttaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccttatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactggggc 300  
ttccactttg acttctgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagtgc ctccaccaag 360  
ggcccatcgg tcttccccct ggcaccctcc tccaagagca cctctggggg cacagcggcc 420  
ctgggctgcc tggtaagga ctacttcccc gaaccggtga cgggtgctgtg gaactcaggc 480  
gccctgacca gcggcgtgca caccttcccc gctgtcctac agtcctcagg actctactcc 540  
ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc agcttgggca cccagacctc catctgcaac 600  
gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac 660  
aaaactcaca catgccacc gtgccagca cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc 720  
ctcttcccc caaaaccaa ggacaccctc atgatctccc ggaccctga ggtcaccatgc 780  
gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc 840  
gtggaggtgc ataatgcaa gacaaagccg cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt 900  
gtggtcagcg tcctcacctg cctgcaccag gactggctga atggcaagga gtacaagtgc 960  
aaggtctcca acaaagccct cccagcccc atcgagaaaa ccatctcaa agccaaaggg 1020  
cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg ccccatccc gggaggagat gaccaagaac 1080  
caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg 1140  
gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac 1200  
ggctccttct tcctctatag caagctcacc gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac 1260

gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc 1320

tcctgtctc cgggtaaata a 1341

<210> 644

<211> 446

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A9 HC

<400> 644

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr

195

200

205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
 245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
 260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
 275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
 290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
 305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
 325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
 340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
 355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
 370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
 385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
 405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
 420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 435 440 445

<210> 645

<211> 1350  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4В10 НС

<400> 645  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatgaca tgcaactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaactaa tgaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca cttccaagaa cacgctgtat 240  
ttgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtat attactgtgc gagagaacga 300  
tattttgact ggtcttttga ctactggggc cagggaaacc tggtcagcgt ctctagtgcc 360  
tccaccaagg gcccatcggg cttccccctg gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc 420  
acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg 480  
aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac accttccccg ctgtcctaca gtcctcagga 540  
ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg ccctccagca gcttggggcac ccagacctac 600  
atctgcaacg tgaatcaca gccccagcaac accaagggtgg acaagaaagt tgagcccaaa 660  
tcttgtgaca aaactcacac atgccaccg tgcccagcac ctgaactcct ggggggaccg 720  
tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag gacaccctca tgatctcccg gaccctgag 780  
gtcacatgcg tgggtggtgga cgtgagccac gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac 840  
gtggacggcg tggaggtgca taatgccaa acaaagccgc gggaggagca gtacaacagc 900  
acgtaccgtg tggtcagcgt cctcaccgtc ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag 960  
tacaagtgca aggtctcaa caaagccctc ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa 1020  
gccaaagggc agccccgaga accacaggtg tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg 1080  
accaagaacc aggtcagcct gacctgctg gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc 1140  
gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg 1200  
gactccgacg gtccttctt cctctatagc aagctcaccg tggacaagag caggtggcag 1260  
caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag 1320  
aagagcctct ccctgtctcc gggtaaataga 1350

<210> 646  
<211> 449  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4В10 НС

<400> 646

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

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 647  
<211> 1350  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4F3 HC

<400> 647  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc

tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatgaca tggactgggt ccgccagact 120  
 ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
 gcagactccg tgaggggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240  
 ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaaact 300  
 ggggagggct ggtacttcga tctctggggc cgtggcacc cggtcaccgt ctctagtgc 360  
 tccaccaagg gcccatcggg cttccccctg gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc 420  
 acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg 480  
 aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac accttccccg ctgtcctaca gtcctcagga 540  
 ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg ccctccagca gcttggggcac ccagacctac 600  
 atctgcaacg tgaatcaca gcccagcaac accaagggtg acaagaaagt tgagcccaaa 660  
 tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg tgcccagcac ctgaactcct ggggggaccg 720  
 tcagtettcc ttttcccccc aaaaccaag gacaccctca tgatctcccg gaccctgag 780  
 gtcacatgcg tgggtgggga cgtgagccac gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac 840  
 gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag acaaagccgc gggaggagca gtacaacagc 900  
 acgtaccgtg tggtcagcgt cctcaccgtc ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag 960  
 tacaagtgca aggtctcaa caaagcctc ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa 1020  
 gccaaagggc agccccgaga accacaggtg tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg 1080  
 accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg gtcaaaggct tctatcccag cgacatogcc 1140  
 gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg 1200  
 gactccgacg gctccttctt cctctatagc aagctcaccg tggacaagag cagggtggcag 1260  
 caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag 1320  
 aagagcctct ccctgtctcc gggtaaatga 1350

<210> 648  
 <211> 449  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 4F3 HC

<400> 648

Gln Val Gln Leu Val 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val



35

40

45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290

295

300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

- <210> 649
- <211> 1341
- <212> ДНК
- <213> искусственная

- <220>
- <223> 4F7 HC

```

<400> 649
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc      60
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc      120
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac      180
ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt ccaagaacca gttctccctg      240
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactggggc      300
ttccactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagtgc ctccaccaag      360

```

ggcccatcgg tcttccccct ggcaccctcc tccaagagca cctctggggg cacagcggcc 420  
 ctgggctgcc tgggtcaagga ctacttcccc gaaccggtga cgggtgctgtg gaactcaggc 480  
 gccctgacca gcggcgtgca caccttcccc gctgtcctac agtcctcagg actctactcc 540  
 ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc agcttgggca cccagaccta catctgcaac 600  
 gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac 660  
 aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc 720  
 ctcttcccc caaaacccaa ggacaccctc atgatctccc ggaccctga ggtcacatgc 780  
 gtgggtgggg acgtgagcca cgaagaccct gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc 840  
 gtggaggtgc ataatgcaa gacaaagccg cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt 900  
 gtggtcagcg tcctcacctg cctgcaccag gactggctga atggcaagga gtacaagtgc 960  
 aaggtctcca acaaagccct cccagcccc atcgagaaaa ccatctcaa agccaaaggg 1020  
 cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg ccccatccc gggaggagat gaccaagaac 1080  
 caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg 1140  
 gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac aagaccagc ctcccgtgct ggactccgac 1200  
 ggctccttct tcctctatag caagctcacc gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac 1260  
 gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc 1320  
 tccctgtctc cgggtaaagt a 1341

<210> 650  
 <211> 446  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> HC  
 <400> 650

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

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 651  
<211> 1368  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 16A4 HC

<400> 651  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggcgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgactg tctctggtga ctccatcact agttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gcgggagcac caattacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagtt ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag agatcaaagg 300  
cggatagcag cagctggtac ccacttctac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcactgtct cctcagcttc caccaagggc ccatccgtct tccccctggc gccctcctcc 420  
aagagcacct ctgggggcac agcggccctg ggctgcctgg tcaaggacta cttccccgaa 480  
ccggtgacgg tgtcgtggaa ctcaagggcc ctgaccagcg gcgtgcacac cttccccgct 540  
gtcctacagt cctcaggact ctactccctc agcagcgtgg tgaccgtgcc ctccagcagc 600  
ttgggcacc agacctacat ctgcaacgtg aatcacaagc ccagcaacac caaggtggac 660  
aagaaagttg agcccaaatc ttgtgacaaa actcacacat gccaccctg cccagcaoct 720  
gaactcctgg ggggaccgtc agtcttctc tccccccaa aaccaagga caccctcatg 780

atctcccgga cccctgaggt cacatgcgtg gtggtggacg tgagccacga agaccctgag 840  
 gtcaagttca actggtacgt ggacggcgtg gaggtgcata atgccaagac aaagccgcgg 900  
 gaggagcagt acaacagcac gtaccgtgtg gtcagcgtcc tcaccgtcct gcaccaggac 960  
 tggctgaatg gcaaggagta caagtgcaag gtctccaaca aagccctccc agcccccatc 1020  
 gagaaaacca tctccaaagc caaagggcag ccccgagaac cacaggtgta caccctgccc 1080  
 ccatcccggg aggagatgac caagaaccag gtcagcctga cctgcctggt caaaggcttc 1140  
 tatcccagcg acatcgccgt ggagtgggag agcaatgggc agccggagaa caactacaag 1200  
 accacgcctc cctgtctgga ctccgacggc tccttcttcc tctatagcaa gctcaccgtg 1260  
 gacaagagca ggtggcagca ggggaacgtc ttctcatgct cctgatgca tgaggctctg 1320  
 cacaaccact acacgcagaa gaggcctctcc ctgtctccgg gtaaata 1368

<210> 652  
 <211> 455  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 16A4 HC

<400> 652

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
 115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser

130

135

140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

385

390

395

400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 653  
<211> 1353  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 16C1 HC

<400> 653  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acttgactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca ttgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatgtca atagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
acgctgagct ctttgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt tctgtgcgag agatgggagc 300  
agtggctggt accggtggtt cgaccctgg ggcagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360  
gcttccacca agggcccatc cgtcttccc ctggcgcct cctccaagag cacctctggg 420  
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480  
tggaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggtgtcct acagtctca 540  
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
aaatcttgtg aaaaaactca cacatgccca ccgtgccag cacctgaact cctgggggga 720  
cgtcagtct tcctcttccc ccaaaaacc aaggacacc tcatgatctc ccggaccct 780  
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtctctgacc aggactggct gaatggcaag 960  
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080



atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgcacatc 1140  
 gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
 ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
 cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccaactacacg 1320  
 cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 654  
 <211> 450  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 16С1 НС

<400> 654

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Thr Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 655  
<211> 1359  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8 HC

<400> 655  
cagggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acgtgcaactg tctctggtgg ctccatcaat agttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaaggg gactggagtg gattgggtat atctattaca ttgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgcgt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccctgtatt actgtgagag agattcccgg 300  
tatagaagtg gctggtacga tgcttttgat atctggggcc aagggacaat ggtcacccgc 360  
tcttcagctt ccaccaaggg cccatccgtc tccccctgg cgcctcctc caagagcacc 420  
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 480  
gtgtcgtgga actcaggggc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 540  
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 600  
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 660  
gagcccaaat cttgtgaaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 720  
gggggaccgt cagtcttctt cttcccccca aaaccaagg acaccctcat gatctcccgg 780  
accctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 840  
aactggtacg tggacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgag ggaggagcag 900  
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 960  
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1020  
atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatcccgg 1080  
gaggagatga ccaagaacca ggtcagcctg acctgctgg tcaaaggctt ctatcccagc 1140  
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgct 1200  
cccgtgctgg actccgacgg ctccctcttc ctctatagca agctcaccgt ggacaagagc 1260  
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac 1320  
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggtaaatga 1359

<210> 656  
<211> 452  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 17H8 HC

<400> 656

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210

215

220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 657

<211> 1353  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 НС

<400> 657  
caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttcactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag ggcttgaatg gatgggaatt atcaacccta ttagtgtag cacaagctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
atacagctat ggttacatth ggactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360  
gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctgggcacct cctccaagag cacctctggg 420  
ggcacagcgg ccctgggctg cctgggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacgggtgtcg 480  
tggaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 540  
ggactctact ccctcagcag cgtgggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
aaatcttgtg acaaaaactca cacatgccca ccgtgccag cacctgaact cctgggggga 720  
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcatgatctc ccggaccct 780  
gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
agcacgtacc gtgtgggtcag cgtcctcacc gtctctgacc aggactggct gaatggcaag 960  
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacacc tgccccatc ccgggaggag 1080  
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa cactacacg 1320  
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 658  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 19B5 НС

<400> 658

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 659  
<211> 1353  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 20D3 HC

<400> 659  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt



tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttcactgggt gcgccaggcc 120  
 cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ttagtgtag cacaagctac 180  
 gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
 atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
 atacagctat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360  
 gcttccacca agggcccac cgtcttcccc ctggcgccct cctccaagag cacctctggg 420  
 ggcacagcgg ccctgggctg cctgggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480  
 tggaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 540  
 ggactctact ccctcagcag cgtgggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
 tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
 aatcttctg acaaaactca cacatgccc cctgtgccag cacctgaact cctgggggga 720  
 ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcattgatctc ccggaccct 780  
 gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
 tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
 agcacgtacc gtgtggctag cgtcctcacc gtctctgacc aggactggct gaatggcaag 960  
 gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
 aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacacc tgccccatc ccgggaggag 1080  
 atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
 gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
 ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
 cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa cactacagc 1320  
 cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 660  
 <211> 450  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 20D3 HC

<400> 660

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

Phe Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

290

295

300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

- <210> 661
- <211> 1353
- <212> ДНК
- <213> искусственная

- <220>
- <223> 22D1 HC

<400> 661  
cagggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgagggtt 60  
tcttgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttactgggt acgccaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ttagtgttag cacaagctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
atacagctat ggttacattt ggactactgg ggccagggaa ccttggtcac cgtctctca 360

gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct cctccaagag cacctctggg 420  
ggcacagcgg ccctgggctg cctgggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacgggtgtcg 480  
tggaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 540  
ggactctact ccctcagcag cgtgggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
aatcttgtg acaaaactca cacatgcca ccgtgccag cacctgaact cctggggggg 720  
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcatgatctc ccggaccct 780  
gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtctgcacc aggactggct gaatggcaag 960  
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacacc tgcccccatc ccgggaggag 1080  
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
ctggactccg acggctcctt ctctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacag 1320  
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 662  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 22D1 HC

<400> 662

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 663  
<211> 1356  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 22G10 HC

<400> 663  
gaggtgcaac tgttggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagc agttatgcca tgaactgggt ccgccagget 120  
ccaggaagg ggctggagtg ggtctcaact attagtgggtg gtgggtgctaa cacatactac 180  
gcagactccg tgaagggccg gttcaccatc tccagtgaca attccaagag cacgctgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggccgtat atcactgtgc gaaaggggga 300  
atgggggggat actactacgg tatggacgtc tggggccaag ggaccacggt caccgtctcc 360  
tcagcttcca ccaagggccc atccgtcttc ccctggcgc cctcctccaa gagcacctct 420  
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480  
tcgtggaact caggggcctt gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540  
tcaggactct actccctcag cagcgtgggtg accgtgcctt ccagcagctt gggcaccocag 600  
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660

cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720  
 ggaccgtcag tcttctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780  
 cctgaggtca catgctggtt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840  
 tggtagctgg acggcgtgga ggtgcataat gccaaagaaa agccgcggga ggagcagtac 900  
 aacagcacgt accgtgtggt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960  
 aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020  
 tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgcccc atcccgggag 1080  
 gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcttgggtc aaggcttcta tcccagcgac 1140  
 atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200  
 gtgctggact ccgacggctc cttcttctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260  
 tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320  
 acgcagaaga gcctctcctt gtctccgggt aatga 1356

<210> 664  
 <211> 451  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 22G10 HC

<400> 664

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

115

120

125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
 130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
 165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
 180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
 195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
 245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
 260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
 275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
 325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
 340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355 360 365

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



370

375

380

Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro
385					390					395					400

Val	Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Val
				405					410					415	

Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met
			420					425					430		

His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser
		435					440					445			

Pro Gly Lys  
450

<210> 665  
 <211> 1368  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 23A10 HC

<400> 665  
 caggtgcagc tgggtggagtc tggggggaggc gtgggtccagc ctggggaggtc cctgagactc 60  
 tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120  
 ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
 gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
 ctgctaataga acagcctgag agccgaggac tgggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
 ggtataacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
 gtcaccgtct cctcagcttc caccaagggc ccatcctgtt tccccctggc gccctcctcc 420  
 aagagcacct ctggggggcac agcggccctg ggctgcctgg tcaaggacta cttccccgaa 480  
 ccggtgacgg tgtcgtggaa ctcagggggc ctgaccagcg gcgtgcacac cttccccgct 540  
 gtccctacagt cctcaggact ctactccctc agcagcgtgg tgaccgtgcc ctccagcagc 600  
 ttgggcaccc agacctacat ctgcaacgtg aatcacaagc ccagcaacac caaggtggac 660  
 aagaaagttg agcccaaadc ttgtgacaaa actcacacat gccaccgtg cccagcacct 720  
 gaactcctgg ggggaccgtc agtcttctc tccccccaa aaccgaagga caccctcatg 780  
 atctcccga cccctgaggt cacatgcgtg gtgggtggacg tgagccacga agaccctgag 840  
 gtcaagttca actggtacgt ggacggcgtg gaggtgcata atgccaagac aaagccgcgg 900  
 gaggagcagt acaacagcac gtaccgtgtg gtcagcgtcc tcaccgtcct gcaccaggac 960

tggctgaatg gcaaggagta caagtgcaag gtctccaaca aagccctccc agccccatc 1020  
 gagaaaacca tctccaaagc caaagggcag ccccgagaac cacaggtgta cacocctgccc 1080  
 ccatccccggg aggagatgac caagaaccag gtcagcctga cctgcctggt caaaggcttc 1140  
 tatcccagcg acatcgccgt ggagtgggag agcaatgggc agccggagaa caactacaag 1200  
 accacgcctc ccgtgctgga ctccgacggc tccttcttcc tctatagcaa gctcacctg 1260  
 gacaagagca ggtggcagca ggggaacgtc ttctcatgct ccgtgatgca tgaggctctg 1320  
 cacaaccact acacgcagaa gagcctctcc ctgtctccgg gtaaata 1368

<210> 666  
 <211> 455  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 23A10 HC

<400> 666

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
 20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
 115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
 130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
 145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
 165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
 180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
 195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
 210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
 225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
 245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
 260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
 275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
 290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
 305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
 325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
 340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
 355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
 370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
 385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
 405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 667  
<211> 1353  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 HC

<400> 667  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg catctggata caccttcacc agctactata ttactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag gacttgagtg gatgggaata atcaaccca gtggtggtag cacaaggtag 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgaggggga 300  
atacagctat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360  
gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct cctccaagag cacctctggg 420  
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480  
tggaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 540  
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
aaatcttggt acaaaaactca cacatgccca ccgtgccag cacctgaact cctggggggg 720  
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcattgatctc ccggaccct 780  
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtctgcacc aggactggct gaatggcaag 960  
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
aaagccaaag ggcagcccg agaaccacag gtgtacacc tgccccatc ccgggaggag 1080  
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccggtg 1200  
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260

cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccaactacag 1320

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 668  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 25F8 HC

<400> 668

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195

200

205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435 440 445

Gly Lys

<210> 669  
 <211> 1353  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 25G10 НС

<400> 669  
 cagggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
 ccaggaaggg gactggagtg gattgggtat atctattaca ttgggagcac caactacaac 180  
 ccctccctca agagtcgagt caccatgtca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag agatgggagc 300  
 agtggctggg accggtggtt cgaccctggg ggcagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360  
 gcttcacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct cctccaagag cacctctggg 420  
 ggacagcgg ccctgggctg cctgggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480  
 tggaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 540  
 ggactctact ccctcagcag cgtgggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
 tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
 aatcttctg acaaaaactca cacatgccca ccgtgccag cacctgaact cctgggggga 720  
 ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcattgatct ccggaccct 780  
 gaggtcacat gcgtgggtgg ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
 tacgtggagc gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
 agcacgtacc gtgtgggtcag cgtcctcacc gtctctgacc aggactggct gaatggcaag 960  
 gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
 aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080  
 atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
 gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
 ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
 cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320  
 cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 670  
 <211> 449  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 25G10 HC

<400> 670

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240



Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly

<210> 671

<211> 1353

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26D1 HC

<400> 671  
 caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
 tcctgtaagg catctagata caccttcacc agctactata tgtcctgggt gcgacaggcc 120  
 cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atccacccta gtggtggtga cacaacctac 180  
 gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accggggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
 atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300  
 ataaaactat ggttacattt tgactattgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360  
 gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctgggcacct cctccaagag cacctctggg 420  
 ggacagcgg ccctgggctg cctgggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacgggtgctg 480  
 tggaaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 540  
 ggactctact ccctcagcag cgtgggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
 tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
 aatcttctg acaaaaactca cacatgccca ccgtgccag cacctgaact cctgggggga 720  
 ccgtcagtct tcctcttccc ccaaaaacc aaggacacc tcctgatctc ccggaccct 780  
 gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
 tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
 agcacgtacc gtgtgggtcag cgtcctcacc gtctctcacc aggactggct gaatggcaag 960  
 gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
 aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacacc tgccccatc ccgggaggag 1080  
 atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
 gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
 ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
 cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacag 1320  
 cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 672  
 <211> 450  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 26D1 HC

<400> 672

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20

25

30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275

280

285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 673

<211> 1353

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 26F12 HC

<400> 673

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaagg catctagata caccttcacc aactactata tgtcctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta gtgggtggtga ctcaacctac 180

gcacagaagt tccagggcag actcaccatg accggggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300  
atacaactat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctctctca 360  
gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct cctccaagag cacctctggg 420  
ggcacagcgg ccctgggctg cctgggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacgggtgtcg 480  
tggaactcag gggccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctctca 540  
ggactctact ccctcagcag cgtgggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 600  
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660  
aaatcttgtg acaaaaactca cacatgccca ccgtgccag cacctgaact cctggggggg 720  
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaacc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccct 780  
gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 900  
agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960  
gagtacaagt gcaaggctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020  
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080  
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140  
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200  
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260  
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa cactacacg 1320  
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1353

<210> 674  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26F12 HC

<400> 674

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 675

<211> 639

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 2G6 LC

<400> 675

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatacttgct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtcctagg tcagcccaag gccaaccca ctgtcactct gttcccggcc 360  
tcctctgagg agctccaagc caacaaggcc aactagtgt gtctgatcag tgacttctac 420  
ccgggagctg tgacagtggc ctggaaggca gatggcagcc ccgtcaaggc gggagtggag 480  
accaccaaac cctccaaca gagcaacaac aagtacgagg ccagcagcta cctgagcctg 540

acgccccgagc agtgggaagtc ccacagaagc tacagctgcc aggtcacgca tgaagggagc 600

accgtggaga agacagtggc ccctacagaa tgttcatga 639

<210> 676

<211> 212

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 2G6 LC

<400> 676

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Asn  
100 105 110

Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro



Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 677  
<211> 645  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 LC

<400> 677  
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtcg gaatattagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtccatcca gcagggccac tggcatccca 180  
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttacagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcattcac tttcggccct 300  
gggaccaaaag tggatatcaa acgtacggtg gctgcacat ctgtcttcat cttcccggca 360  
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taactttat 420  
cccagagagg ccaaagtaca gtggaagggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480  
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540  
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600  
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gttga 645

<210> 678  
<211> 214  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A2 LC

<400> 678

Glu Ile Val 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 Arg Asn Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Thr Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 679

<211> 654

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4A9 LC

<400> 679

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc caggacagag ggtcaccatc 60

tctgcaactg ggagcagctc caacatcggg acaggttatg ctgtacactg gtaccagcag 120

tttccaggaa cagccccaa actcctcatc tatggtaaca acaatcggcc ctccaggggtt 180

cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240

caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagact gagtgggttg 300

gtgttcggcg gagggaccaa gctgaccgtc ctaggtcagc ccaaggccaa cccactgtc 360

actctgttcc cgcctcctc tgaggagctc caagccaaca aggccacact agtgtgtctg 420

atcagtgact tctacccggg agctgtgaca gtggcctgga aggcagatgg cagccccgtc 480  
aaggcgggag tggagaccac caaacctcc aaacagagca acaacaagta cgcggccagc 540  
agctacctga gcctgacgcc cgagcagtgg aagtcccaca gaagctacag ctgccaggtc 600  
acgcatgaag ggagcaccgt ggagaagaca gtggccccta cagaatgttc atga 654

<210> 680  
<211> 217  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 4A9 LC

<400> 680

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser

180

185

190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 681

<211> 645

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 4B10 LC

<400> 681

gaaattgtat tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc aacacctact tagcctggta ccatcagaga 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180  
gacagattca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcgctc tcaccatcag cagtctggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtacagta actcgtggac gttcggccaa 300  
gggaccaagg tggaaatcaa acgaactgtg gctgcacat ctgtcttcat cttcccgcca 360  
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgtttgtg gcctgctgaa taacttctat 420  
cccagagagg ccaaagtaca gtggaagggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480  
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540  
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600  
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gttga 645

<210> 682

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 4B10 LC

<400> 682

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ala Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 683

<211> 645

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> 4F3 LC

<400> 683

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggaa 240

cctgaggatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcgtggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa acgtacggtg gctgcacat ctgtcttcat cttcccgcca 360  
 tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taactttat 420  
 cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480  
 gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540  
 ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600  
 ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gttga 645

<210> 684  
 <211> 214  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 4F3 LC

<400> 684

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
 100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
 115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
 130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
 145 150 155 160

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

165

170

175

Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu	Lys	His	Lys	Val	Tyr
			180					185					190		

Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	Val	Thr	Lys	Ser
		195					200					205			

Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys
	210				

<210> 685

<211> 654

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 LC

<400> 685

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc 60

tcctgcactg ggagcagctc caatatcggg acaggttatg atgtacactg gtatcagcag 120

cttcaggaa cagccccaa actcctcatc catggtaaca gcaatcggcc ctcaggggctc 180

cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240

caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagtct gagggttg 300

gtgttcggcg gagggaccag gttgaccgtc ctaggtcagc ccaaggccaa cccactgtc 360

actctgttcc cgccctcctc tgaggagctc caagccaaca aggccacact agtgtgtctg 420

atcagtgact tctaccggg agctgtgaca gtggcctgga aggcagatgg cagccccgtc 480

aaggcgggag tggagaccac caaacctcc aaacagagca acaacaagta cgcggccagc 540

agctacctga gcctgacgcc cgagcagtg aagtcccaca gaagctacag ctgccaggtc 600

acgcatgaag ggagcacctg ggagaagaca gtggccccta cagaatgttc atga 654

<210> 686

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 4F7 LC

<400> 686

Gln	Ser	Val	Leu	Thr	Gln	Pro	Pro	Ser	Val	Ser	Gly	Ala	Pro	Gly	Gln
1				5					10					15	

Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Cys	Thr	Gly	Ser	Ser	Ser	Asn	Ile	Gly	Thr	Gly
			20					25					30		

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 687

<211> 648

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 16A4 LC

<400> 687

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagggttagc agcagttatt tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtacatcca gcagggccac tggcatocca 180



gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcacatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgta ttattgtcag cagtacggta gctcaccttt cactttcggc 300  
ggagggacca aggtggagat caaacgaact gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360  
ccatctgatg agcagttgaa atctggtacc gcctctggtg tgtgcctgct gaataacttc 420  
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480  
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacctcg 540  
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600  
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtggtga 648

<210> 688  
<211> 215  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 16A4 LC

<400> 688

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser



Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 691  
<211> 648  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 17H8 LC

<400> 691  
gacattgtat tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc

ctctcctgca gggccagtca gagtgttgcc ggcagctacc tagcctggta ccagcagaaa 120  
 cctggccagg ctcccaggct cctcatctct ggtgcatcca gcagggccac tggcatocca 180  
 gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
 cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta aatcacccgat caccttcggc 300  
 caagggacac gactggagat gaaaggaact gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360  
 ccatctgatg agcagttgaa atctggtacc gcctctgttg tgtgctgct gaataacttc 420  
 tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480  
 caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacccctg 540  
 acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600  
 ggctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtggtga 648

<210> 692  
 <211> 215  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 17H8 LC

<400> 692

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
 85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Gly Thr Val Ala  
 100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
 115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu

130

135

140

Ala	Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ser	Gly	Asn	Ser
145					150					155					160

Gln	Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp	Ser	Thr	Tyr	Ser	Leu
				165					170					175	

Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu	Lys	His	Lys	Val
			180					185					190		

Tyr	Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	Val	Thr	Lys
		195					200					205			

Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys
	210					215

<210> 693  
 <211> 651  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 19B5 LC

<400> 693  
 cagtctgcg c tgactcagcc accctcaacg actgggaccc ccgggcagag gggtcaccatc 60  
 tcttgttctg gaagcaggtc caacatcgga agcaattttg taaactggta caagcagctc 120  
 ccaggaacgg cccccaaagt cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
 gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
 tctgaggatg agtctgatta ttactgcgca acatgggatg acagtatgaa tggttgggtg 300  
 ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggctcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360  
 ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa gccacaagg ccacactggg gtgtctcata 420  
 agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtaag 480  
 gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540  
 tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600  
 catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gccctacag aatgttcatg a 651

<210> 694  
 <211> 216  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 19B5 LC

<400> 694

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 695  
<211> 651  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 20D3 LC

<400> 695  
 cagtctgcgc tgactcagcc accctcagcg actgggaccc cggggcagag ggtcaccatc 60  
 tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agcaattttg taaactggta caagcagctc 120  
 ccaggaacgg cccccaaagt cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
 gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
 tctgaggatg agtctgatta ttactgtgca acatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300  
 ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360  
 ctgttccac cctcctctga ggagcttcaa gccacaagg ccacactggt gtgtctcata 420  
 agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtaag 480  
 gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540  
 tatctgagcc tgacgctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600  
 catgaagga gcaccgtgga gaagacagtg gccctacag aatgttcatg a 651

<210> 696  
 <211> 216  
 <212> БЕЛЮК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 20D3 LC

<400> 696

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

115

120

125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
 130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
 145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
 165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
 180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
 195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215

&lt;210&gt; 697

&lt;211&gt; 651

&lt;212&gt; ДНК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; 22D1 LC

&lt;400&gt; 697

cagtctgctg tgactcagcc accctcagcg actgggaccc cggggcagag ggtcaccatc 60  
 tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agcaattttg taaactggta caagcagctc 120  
 ccaggaacgg cccccaagt cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
 gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
 tctgaggatg agtctgatta ttactgtgca acatgggatg acagtatgaa tggttgggtg 300  
 ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360  
 ctgttccac ctcctctga ggagcttcaa gccacaagg ccacactggt gtgtctcata 420  
 agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtaag 480  
 gcgggagtgg agaccaccac accctcaaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540  
 tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600  
 catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gccctacag aatgttcatg a 651

&lt;210&gt; 698

&lt;211&gt; 216

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ



<220>

<223> 22D1 LC

<400> 698

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 699

<211> 645

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10 LC

<400> 699

gaaatagtga tgacgcagtc tccagtcacc ctgtctctgt ctctagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtattagc agcaacttag cctgggtcca gcagaaacct 120  
ggccaggctc ccagactcct catctatggt gcatttacca gggccactgg tatcccagcc 180  
agggtcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240  
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataattact ggccgctcac tttcggcgga 300  
gggaccaagg tggagatcaa gcgaactgtg gctgcacat ctgtcttcat cttcccgcca 360  
tctgatgagc agttgaaatc tggtagcgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420  
cccagagagg ccaaagtaca gtggaagggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480  
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540  
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600  
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gttga 645

<210> 700

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 22G10 LC

<400> 700

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

100

105

110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

- <210> 701
- <211> 639
- <212> ДНК
- <213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 LC

<400> 701  
tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgtttgct ggtatcagca gaagccaggc 120  
cagtccccta tactggtcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 300  
accaagctga ccgtcctagg tcagcccaag gctgccccct cggtcactct gttcccaccc 360  
tcctctgagg agcttcaagc caacaaggcc aactggtgt gtctcataag tgacttctac 420  
ccgggagccg tgacagtggc ctggaaggca gatagcagcc ccgtcaaggc gggagtggag 480  
accaccacac cctccaaaca aagcaacaac aagtacgcgg ccagcagcta tctgagcctg 540  
acgcctgagc agtgaagtc ccacagaagc tacagctgcc aggtcacgca tgaagggagc 600  
accgtggaga agacagtggc ccctacagaa tgttcatga 639

<210> 702

<211> 212  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 23A10 LC

<400> 702

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 703  
<211> 651  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 25F8 LC

<400> 703  
cagtctgcgc tgactcagcc accctcagcg actgggaccc cggggcagag ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga aggaattttg taaactggta taagcagctc 120  
ccaggaacgg cccccaagt cctcatttat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg agtctgatta ttactgtgca gcatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360  
ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa gccacaagg ccacactggt gtgtctcata 420  
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtaag 480  
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540  
tatctgagcc tgacgctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtaacg 600  
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gccctacag aatgttcatg a 651

<210> 704  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 25F8 LC

<400> 704

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu

85

90

95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
 100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
 115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
 130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
 145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
 165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
 180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
 195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215

<210> 705  
 <211> 648  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> 25G10 LC

<400> 705  
 gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
 ctctcctgca gggccagtca gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
 cctggccagg ctcccaggct cctcatcttt ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180  
 gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
 cctgaagatt ttgcagtgta tcaactgtcag cagtatggta actcaccgct cactttcggc 300  
 ggagggacca aggtggagat caaacgaact gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360  
 ccatctgatg agcagttgaa atctggtacc gcctctgttg tgtgctgct gaataacttc 420  
 tatccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480  
 caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacctcg 540  
 acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcaagt caccatcag 600

ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtggttga

648

<210> 706  
<211> 215  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> 25G10 LC

<400> 706

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 707  
<211> 651  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 LC

<400> 707  
cactctgtgc tgactcagtc accctcagcg tctgggaccc ccggacagag ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagccgctc caacatcgga agtaattttg taaactggta ccagcagctc 120  
ccaggaacgg cccccaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gtatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360  
ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa gccacaagg ccacactggt gtgtctcata 420  
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcttggaagg cagatagcag ccccgtaag 480  
gcgggagtgg agaccaccac accctcaaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540  
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600  
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gccctacag aatgttcatg a 651

<210> 708  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 26D1 LC

<400> 708

His Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln





gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540  
 tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccagggtcacg 600  
 catgaagga gcaccgtgga gaagacagtg gccctacag aatgttcatg a 651

<210> 710  
 <211> 216  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> 26F12 LC

<400> 710

Gln Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
 20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
 85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
 100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
 115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
 130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
 145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
 165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
 180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 711  
<211> 449  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> [hu anti-<huCDH19> 4F3 VH]::huIgG1z

<400> 711

Gln Val Gln Leu Val 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser

180

185

190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435

440

445

Lys

&lt;210&gt; 712

&lt;211&gt; 446

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; искусственная

&lt;220&gt;

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 4A9 VH]::huIgG1z

&lt;400&gt; 712

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
 35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 713  
<211> 449  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-⟨huCDH19⟩ 4B10 VH]::huIgG1z

<400> 713

Gln Val Gln Leu Val 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

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys

210

215

220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 714



<211> 452  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  17H8.2 VH]::huIgG1z

<400> 714

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser  
210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 715  
<211> 450  
<212> БЕЖОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-~~hu~~CDH19> 16C1.1 VH]::huIgG1z

<400> 715

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Thr Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly



<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  16A4.1 VH]::huIgG1z

<400> 716

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 717

<211> 451

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 22G10.1 VH]::huIgG1z

<400> 717

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys  
210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met





Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 719  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-huCDH19 22D1.1 VH]::huIgG1z

<400> 719

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

1				5						10						15
Ser	Val	Arg	Val	Ser	Cys	Lys	Val	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr	
			20					25					30			
Phe	Ile	His	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Met	
		35					40					45				
Gly	Ile	Ile	Asn	Pro	Ile	Ser	Val	Ser	Thr	Ser	Tyr	Ala	Gln	Lys	Phe	
	50					55					60					
Gln	Gly	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Thr	Ser	Thr	Val	Phe	
65					70					75					80	
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	
				85					90					95		
Ala	Arg	Gly	Gly	Ile	Gln	Leu	Trp	Leu	His	Leu	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	
			100					105						110		
Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	
		115					120					125				
Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	
	130						135				140					
Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	
145					150					155					160	
Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	
				165					170						175	
Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	
			180					185					190			
Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	
		195					200					205				
Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	
	210					215					220					
Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	
225					230					235					240	
Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	
				245					250					255		
Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	

260

265

270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 720

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  25F8.1 VH]::huIgG1z

<400> 720

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 721

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  26F12.1 VH]::huIgG1z

<400> 721

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20

25

30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275

280

285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 722

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#) 26D1.1 VH]::huIgG1z

<400> 722

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30



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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 723  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[huCDH19](#) 25G10.1 VH]::huIgG1z

<400> 723

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35

40

45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

290

295

300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 724

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#) 19B5.1 VH]::huIgG1z

<400> 724

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 725

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]::huIgG1z

<400> 725

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

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

50

55

60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys





Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 727  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> HC [hu anti-<huCDH19> 4A2 VH]::huIgG1z

<400> 727

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe

65					70					75					80
Ser	Leu	Lys	Leu	Ser	Ser	Val	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr
				85					90					95	
Cys	Ala	Arg	Asp	Gly	Ser	Ser	Gly	Trp	Tyr	Phe	Gln	Tyr	Trp	Gly	Gln
			100					105					110		
Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val
		115						120				125			
Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala
	130						135				140				
Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser
145					150					155					160
Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val
				165					170					175	
Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro
			180					185					190		
Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys
		195					200					205			
Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp
	210					215					220				
Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly
225					230					235					240
Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile
				245					250					255	
Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu
			260					265					270		
Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His
		275					280					285			
Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg
	290					295					300				
Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys
305					310					315					320
Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu

325

330

335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435 440 445

Gly Lys  
 450

<210> 728

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  4A2 (1-472) (Q17E,H47P) VH]::huIgG1z

<400> 728

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
 20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
 50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
 65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
 85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 729

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  4A2 (1-472) (Q17E,H47P,D111E) VH]::huIgG1z

<400> 729

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85

90

95

Cys Ala Arg Glu Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340

345

350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 730

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-CDH19 4A2 (1-472) (Q17E,H47P,D111E,W134Y)  
VH]::huIgG1z

<400> 730

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95



Cys Ala Arg Glu Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 731  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 4A2 VH]::huIgG1z

<400> 731

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430 435

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 732

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-[CDH19](#)] 4F3 (1-471) (R17G) VH>::huIgG1z

<400> 732

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
 115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
 130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
 145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
 165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
 180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
 195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
 210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
 225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
 245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
 260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
 275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
 290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
 305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
 325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
 340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
 355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 733

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 4F3 (1-471) (R17G,T47A) VH>::huIgG1z

<400> 733

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
 115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
 130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
 145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
 165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
 180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
 195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
 210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
 225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
 245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
 260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
 275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
 290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
 305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
 325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
 340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
 355 360

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 734

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 4F3 (1-471) (R17G,T47A,R141Q) VH]::huIgG1z

<400> 734

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125



Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 735

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 4F3 (1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,R141Q)  
VH]::huIgG1z

<400> 735

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 736

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-huCDH19> 4F3  
(1-471) (R17G,T47A,D61E,D72E,W134Y,R141Q) VH]::huIgG1z

<400> 736

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Tyr Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
 130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
 145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
 165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
 180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
 195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
 210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
 225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
 245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
 260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
 275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
 290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
 305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
 325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
 340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
 355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
 370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 737

<211> 455

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 2G6 (1-477) (R17G,D61E,D72E,K94N)  
VH]::huIgG1z

<400> 737

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser

130

135

140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys





Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 739

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  16C1.1 (1-469) (T92K) VH]::huIgG1z

<400> 739

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

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



405

410

415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 740

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  16C1.1 (1-469) (T92K,D109E) VH]::huIgG1z

<400> 740

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 741  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 16C1.1 (1-469) (T92K,W132Y,W135Y)  
VH]::huIgG1z

<400> 741

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Arg Tyr Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 742  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 16C1.1 (1-469) (T92K) VH>::huIgG1z

<400> 742

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175



Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 743  
<211> 452  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[<huCDH19>](#) 17H8.2 VH]::huIgG1z

<400> 743

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
 180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
 195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser  
 210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
 225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
 245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
 260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
 275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
 290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
 305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
 325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
 340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
 355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
 370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
 385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
 405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
 420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 744  
<211> 452  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-<huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E) VH]::huIgG1z

<400> 744

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
 195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser  
 210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
 225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
 245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
 260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
 275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
 290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
 305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
 325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
 340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
 355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
 370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
 385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
 405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
 420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 745  
<211> 452  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-huCDH19> 17H8.2 (1-471) (D109E,W132Y) VH]::huIgG1z

<400> 745

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Tyr Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
 195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser  
 210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
 225 230 235

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
 245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
 260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
 275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
 290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
 305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
 325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
 340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
 355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
 370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
 385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
 405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
 420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 746

<211> 452

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  17H8.2 (1-471) (D109E) VH]::huIgG1z

<400> 746

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
195 200 205



His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser  
210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 747  
<211> 446  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-~~hu~~CDH19> 4F7 VH]::huIgG1z

<400> 747

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
 245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
 260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
 275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
 290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
 305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
 325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
 340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
 355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
 370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
 385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
 405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
 420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 435 440 445

<210> 748  
 <211> 446  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-huCDH19> 4F7 VH]::huIgG1z

<400> 748

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 749

<211> 446

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 4F7 (1-468) (W113Y) VH>::huIgG1z

<400> 749

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asn Tyr Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
 195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
 245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 750

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[CDH19](#)] 4B10 (1-471) (R17G,D61E,D72E,W134Y)  
VH]::huIgG1z

<400> 750

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr

20

25

30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Tyr Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn



275

280

285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 751

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 4B10 VH>::huIgG1z

<400> 751

Gln Val Gln Leu Val 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

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
 115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
 130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
 145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
 165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
 180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
 195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
 210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
 225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
 245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
 260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
 275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 752

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-[CDH19](#)] 4B10 (1-471) (R17G) VH>::huIgG1z

<400> 752

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290

295

300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 753

<211> 449

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  4B10 (1-471) (R17G,D61E,D72E) VH]::huIgG1z

<400> 753

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

Lys

<210> 754

<211> 446

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 4A9 VH>::huIgG1z

<400> 754

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

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

50

55

60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys





Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 756

<211> 446

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 4A9 (1-468) (F55I,A56G) VH>::huIgG1z

<400> 756

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100

105

110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
 195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
 245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
 260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
 275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
 290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
 305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
 325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
 340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val

355

360

365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 757

<211> 446

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[CDH19](#)] 4A9 (1-468) (F55I,A56G,W113Y) VH>::huIgG1z

<400> 757

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Tyr Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
405 410 415

Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 758

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  20D3.1 VH]::huIgG1z

<400> 758

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

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





405

410

415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 759

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 20D3.1 VH>::huIgG1z

<400> 759

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 760  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 20D3.1 (1-469) (W133Y) VH>::huIgG1z

<400> 760

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

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

165

170

175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420

425

430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 761

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  20D3.1 (1-469) (W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 761

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 762  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-huCDH19 20D3.1 (1-469) (W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 762

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

			180					185							190
Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys
		195					200					205			
Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp
	210					215					220				
Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly
225					230					235					240
Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile
			245						250					255	
Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu
			260					265					270		
Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His
		275					280					285			
Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg
	290					295					300				
Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys
305					310					315					320
Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu
				325					330					335	
Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr
			340					345					350		
Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Glu	Glu	Met	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu
		355					360					365			
Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp
	370					375					380				
Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val
385					390					395					400
Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp
				405					410					415	
Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His
			420					425					430		
Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro



435

440

445

Gly Lys  
450

<210> 763

<211> 451

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-huCDH19] 22G10.1 (1-470) (S82R,A99E) VH]::huIgG1z

<400> 763

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys  
210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
435 440 445

Pro Gly Lys  
450

<210> 764  
<211> 451  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[CDH19](#)] 22G10.1 (1-470) (A99E,H105Y) VH>::huIgG1z

<400> 764

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Ser 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 Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His

195

200

205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
 245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
 260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
 275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
 325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
 340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
 370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445

Pro Gly Lys

450

<210> 765

<211> 451

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-huCDH19 22G10.1 (1-470) (A99E) VH]::huIgG1z

<400> 765

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys  
210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
435 440 445

Pro Gly Lys  
450

<210> 766  
<211> 451  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-~~hu~~CDH19> 22G10.1 (1-470) (A99E) VH]::huIgG1z

<400> 766

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys

210

215

220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
435 440 445

Pro Gly Lys  
450

<210> 767



<211> 451  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  22G10.1 (1-470) (D72E,A99E) VH]::huIgG1z

<400> 767

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys  
210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
435 440 445

Pro Gly Lys  
450

<210> 768  
<211> 451  
<212> БЕЖОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-~~hu~~CDH19> 22G10.1 (1-470) (H105Y) VH]::huIgG1z

<400> 768

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys  
210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly



<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  16A4.1 (1-474) (T144L) VH]::huIgG1z

<400> 769

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 770

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 19B5.1 VH]::huIgG1z

<400> 770

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile





Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 772  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-huCDH19 19B5.1 VH]::huIgG1z

<400> 772

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

1                    5                    10                    15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
                   20                    25                    30  
 Phe Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
                   35                    40                    45  
 Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
                   50                    55                    60  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
                   65                    70                    75                    80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   85                    90                    95  
 Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
                   100                    105                    110  
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
                   115                    120                    125  
 Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
                   130                    135                    140  
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
                   145                    150                    155                    160  
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
                   165                    170                    175  
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
                   180                    185                    190  
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
                   195                    200                    205  
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
                   210                    215                    220  
 Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
                   225                    230                    235                    240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                   245                    250                    255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu

260

265

270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 773

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  19B5.1 VH]::huIgG1z

<400> 773

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 774

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  19B5.1 (1-469) (W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 774

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20

25

30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275

280

285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 775

<211> 455

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  23A10.3 (1-474) (L92Q) VH]::huIgG1z

<400> 775

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30



Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 776

<211> 455

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti- $\alpha$ CDH19] 23A10.3 (1-474) (R17G,L92Q) VH>::huIgG1z

<400> 776

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35

40

45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr

290

295

300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 777

<211> 455

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-CDH19] 23A10.3 (1-474) (R17G,D61E,D72E,L92Q)  
VH]::huIgG1z

<400> 777

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 778

<211> 455

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 VH]::huIgG1z

<400> 778

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 779

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 VH]::huIgG1z

<400> 779

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60



Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 780

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-<huCDH19> 25G10.1 (1-469) (D109E,W132Y,W135Y)  
VH]::huIgG1z

<400> 780

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Arg Tyr Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 781

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-<huCDH19> 26D1.1 VH]::huIgG1z

<400> 781

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr



325

330

335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 782  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[huCDH19](#) 26D1.1 VH]::huIgG1z

<400> 782

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 783

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  26D1.1 VH]::huIgG1z

<400> 783

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys



85

90

95

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340

345

350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 784

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 26D1.1 VH]::huIgG1z

<400> 784

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 785

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)> 26D1.1 (1-469) (W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 785

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln

100

105

110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355

360

365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435 440 445

Gly Lys  
 450

<210> 786

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-[CDH19](#) 26D1.1 (1-469) (R27G,G82R) VH]::huIgG1z

<400> 786

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 787

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#) 26F12.1 VH]::huIgG1z

<400> 787

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val



115

120

125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

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

370

375

380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 788  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-<huCDH19> 26F12.1 VH]::huIgG1z

<400> 788

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 789

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-huCDH19> 26F12.1 (1-469) (W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 789

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130

135

140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val



Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 791

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  25F8.1 VH]::huIgG1z

<400> 791

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

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





405

410

415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 792

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 25F8.1 VH>::huIgG1z

<400> 792

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 793  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[huCDH19](#)] 25F8.1 (1-469) (F90Y) VH>::huIgG1z

<400> 793

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

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

165

170

175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420

425

430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 794

<211> 450

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-CDH19] 25F8.1 (1-469) (F90Y) VH>::huIgG1z

<400> 794

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 795  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-<huCDH19> 25F8.1 (1-469) (F90Y,W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 795

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro



180

185

190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

435

440

445

Gly Lys  
450

&lt;210&gt; 796

&lt;211&gt; 450

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; искусственная

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; HC [hu anti-&lt;huCDH19&gt; 22D1.1 VH]::huIgG1z

&lt;400&gt; 796

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 797  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-[CDH19](#)> 22D1.1 VH]::huIgG1z

<400> 797

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195

200

205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435 440 445

Gly Lys

450

<210> 798  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> hu anti-huCDH19 22D1.1 (1-469) (W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 798

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 799  
<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti-huCDH19 22D1.1 (1-469) (W133Y) VH]::huIgG1z

<400> 799

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp



210

215

220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 800

<211> 450  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-CDH19 22D1.1 (1-469) (F90Y) VH]::huIgG1z

<400> 800

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 801  
<211> 446  
<212> БЕЖОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-~~hu~~CDH19> 4F7 VH]::huIgG1z

<400> 801

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
115 120 125

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
130 135 140

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
145 150 155 160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
165 170 175

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
180 185 190

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
195 200 205

Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
210 215 220

Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe

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

<210> 802

<211> 455

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> HC [hu anti-huCDH19] 2G6 VH>::huIgG1z

<400> 802

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

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 803

<211> 455

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti-huCDH19] 2G6 (1-477) (R17G,K94N) VH>::huIgG1z

<400> 803

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly





260

265

270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 804

<211> 455

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> HC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  2G6 (1-477) (D61E,D72E) VH]::huIgG1z

<400> 804

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
 115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
 130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
 145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
 165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
 180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
 195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
 210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
 225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
 245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
 260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
275 280 285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 805  
<211> 455  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> HC [hu anti- $\alpha$ CDH19] 2G6 (1-477) (R17G) VH>::huIgG1z

<400> 805

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr  
 115 120 125

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser  
 130 135 140

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu  
 145 150 155 160

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His  
 165 170 175

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser  
 180 185 190

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys  
 195 200 205

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu  
 210 215 220

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro  
 225 230 235 240

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
 245 250 255

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
 260 265 270

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp

275

280

285

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr  
290 295 300

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
305 310 315 320

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu  
325 330 335

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
340 345 350

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys  
355 360 365

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
370 375 380

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
385 390 395 400

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
405 410 415

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser  
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450 455

<210> 806

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19] 4F3 VL>::huKLC

<400> 806

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 807

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-<huCDH19> 4A9 VL]::huLLC-C1

<400> 807

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly

20

25

30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 808

<211> 214

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19] 4B10 VL>::huKLC

<400> 808

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ala Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 809  
<211> 215  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-huCDH19 17H8.2 VL]::huKLC

<400> 809

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

<210> 810

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19 16C1.1 VL]::huKLC

<400> 810

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 811

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-<huCDH19> 16A4.1 VL]::huKLC

<400> 811

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 812

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  22G10.1 VL]::huKLC

<400> 812

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 813

<211> 216

<212> BEJOK

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  20D3.1 VL]::huLLC-C2

<400> 813

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 814

<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-huCDH19 22D1.1 VL]::huLLC-C2

<400> 814

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 815  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-~~hu~~CDH19> 25F8.1 VL]::huLLC-C2

<400> 815

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210

215

<210> 816

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19 26F12.1 VL]::huLLC-C2

<400> 816

Gln Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205



Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 817  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-CDH19 26D1.1 VL]::huLLC-C2

<400> 817

His Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys

195

200

205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 818  
<211> 215  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-huCDH19 25G10.1 VL]::huKLC

<400> 818

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 819  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-CDH19 19B5.1 VL]::huLLC-C2

<400> 819

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His

180

185

190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 820

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)> 4A2 (1-236) (N30Q) VL]::huKLC

<400> 820

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Thr Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 821

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 4A2 (1-236) (N30Q,T102A,P141Q) VL]::huKLC

<400> 821

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

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

165

170

175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 822

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-*huCDH19*] 4A2 (1-236) (N30Q,T102A) VL>::*huKLC*

<400> 822

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 823

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-*huCDH19*> 4A2 (1-236) (N30Q,T102A) VL]::huKLC

<400> 823

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln





Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 825

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 4A2 (1-236) (N30Q,T102A,P141Q) VL>::huKLC

<400> 825

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130

135

140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 826

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 4A2 (1-236) (R29Q,N30S) VL]::huKLC

<400> 826

Glu Ile Val 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 Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Thr Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 827

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)> 4F3 VL]::huKLC

<400> 827

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

115

120

125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 828

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19 4F3 VL]::huKLC

<400> 828

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 829

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)> 4F3 VL]::huKLC

<400> 829

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

100

105

110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 830

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19> 4F3 VL]::huKLC

<400> 830

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 831

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 4F3 VL>::huKLC

<400> 831

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp

85

90

95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
 100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
 115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
 130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
 145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
 165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
 180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
 195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210

<210> 832

<211> 212

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL]::huLLC-C1

<400> 832

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
 20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
 35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
 65 70 75 80



Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Asn  
100 105 110

Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 833  
<211> 215  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> LC [hu anti-huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL]::huKLC

<400> 833

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu



Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 835

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-<huCDH19> 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL]::huKLC

<400> 835

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50

55

60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 836

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 16C1.1 (1-235) (H105Y) VL]::huKLC

<400> 836

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 837

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-[CDH19](#)] 16C1.1 (1-235) (G95R,H105Y,G141Q) VL]::huKLC

<400> 837

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35

40

45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 838

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\alpha$ CDH19] 17H8.2 (1-235) (G149R) VL>::huKLC

<400> 838

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 839

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\alpha$ CDH19] 17H8.2 (1-235) (G149R) VL>::huKLC

<400> 839

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser

20

25

30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 840  
<211> 215  
<212> БЕЛЮК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  17H8.2 (1-235) (G149R) VL]::huKLC

<400> 840

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 841

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19] 17H8.2 (1-235) (S57Y,G149R) VL>::huKLC

<400> 841

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly



Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 843

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 4F7 (1-239) (H57Y,D110E) VL]::huLLC-C2

<400> 843

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Glu Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 844

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\alpha$ CDH19] 4F7 (1-239) (D110E) VL]::huLLC-C2

<400> 844

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Glu Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 845

<211> 214

<212> BEJOK

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-~~hu~~CDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]::huKLC

<400> 845

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 846

<211> 214  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-<huCDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]::huKLC

<400> 846

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 847  
<211> 214  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-~~hu~~CDH19> 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]::huKLC

<400> 847

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys



<210> 848  
 <211> 214  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> LC [hu anti-[huCDH19](#) 4B10 (1-236) (H45Q,A90T) VL]::huKLC

<400> 848

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
 100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
 115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
 130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
 145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
 165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
 180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
 195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 849

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19 4A9 (1-239) (F47L) VL]::huLLC-C1

<400> 849

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu

195

200

205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 850

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 4A9 (1-239) (F47L) VL]::huLLC-C1

<400> 850

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 851

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19 4A9 (1-239) (F47L,D110E) VL]::huLLC-C1

<400> 851

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Glu Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser

180

185

190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 852

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 4A9 (1-239) (F47L,D110E) VL]::huLLC-C1

<400> 852

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Glu Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 853

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19 20D3.1 (1-235) (S102A) VL]::huLLC-C2

<400> 853

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr

165

170

175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 854

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\alpha$ -CDH19] 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL)::huLLC-C2

<400> 854

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 855

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 20D3.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

<400> 855

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

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





Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 857

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19 20D3.1 (1-235) (W109Y) VL]::huLLC-C2

<400> 857

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 858

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]::huKLC

<400> 858

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 859  
<211> 214  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-<huCDH19> 22G10.1 VL]::huKLC

<400> 859

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 860

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 22G10.1 (1-234) (Q97E,S98P) VL]::huKLC

<400> 860

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

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

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 861

<211> 214

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 22G10.1 (1-234) (V78F,Q97E,S98P) VL]::huKLC

<400> 861

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
 100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
 115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
 130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
 145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
 165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
 180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
 195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210

<210> 862  
 <211> 214  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 22G10.1 (1-234) (V78F,Q97E,S98P) VL>::[huKLC](#)

<400> 862

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
 1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
 20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
 35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
 65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 863  
<211> 214  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  22G10.1 VL]::huKLC

<400> 863

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
 100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
 115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
 130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
 145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
 165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
 180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
 195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210

<210> 864  
 <211> 215  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> LC [hu anti-huCDH19 16A4.1 (1-235) (G141Q) VL]::huKLC

<400> 864

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 865

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19] 19B5.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL)::huLLC-C2

<400> 865

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 866

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 19B5.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL>::huLLC-C2

<400> 866

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 867

<211> 216

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 19B5.1 (1-235) (T11V,K45Q,S102A)  
VL]::huLLC-C2

<400> 867

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 868

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 19B5.1 (1-235) (T11V,K45Q,S102A,D111E,N135Q)  
VL]::huLLC-C2

<400> 868

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 869

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#) 19B5.1  
(1-235) (T11V,K45Q,S102A,W109Y,D111E,N135Q) VL]::huLLC-C2

<400> 869

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn

20

25

30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 870

<211> 212

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  23A10.3 (1-231) (C42S) VL]::huLLC-C2

<400> 870

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 871  
<211> 212  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-CDH19 23A10.3 (1-231) (C42S) VL]::huLLC-C2

<400> 871

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





Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 873

<211> 212

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-<huCDH19> 23A10.3 (1-231) (C42Y) VL]::huLLC-C2

<400> 873

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 874

<211> 215

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\alpha$ CDH19] 25G10.1 (1-235) (H105Y) VL]::huKLC

<400> 874

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 875

<211> 215

<212> BEJOK

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-~~hu~~CDH19> 25G10.1 (1-235) (H105Y) VL]::huKLC

<400> 875

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 876

<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19 26D1.1 (1-235) (S7P) VL]::huLLC-C2

<400> 876

His Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 877  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-~~hu~~CDH19> 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P) VL]::huLLC-C2

<400> 877

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210

215

<210> 878

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-huCDH19 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y) VL]::huLLC-C2

<400> 878

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205



Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 879

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q)  
VL]::huLLC-C2

<400> 879

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 880

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19] 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P,W109Y,D111E,N135Q)  
VL]::huLLC-C2

<400> 880

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His

180

185

190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 881

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti- $\alpha$ -CDH19] 26D1.1 (1-235) (H1Q,S7P) VL]::huLLC-C2

<400> 881

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 882  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 26F12.1 (1-235) (S7P) VL>::huLLC-C2

<400> 882

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr

165

170

175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 883

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\alpha$ -CDH19] 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL)::huLLC-C2

<400> 883

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 884

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19 26F12.1 (1-235) (S7P,D111E) VL]::huLLC-C2

<400> 884

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

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



Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 886

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[CDH19](#)] 25F8.1 (1-235) (K45Q) VL]::huLLC-C2

<400> 886

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125



Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 887

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

<400> 887

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 888

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[CDH19](#)] 25F8.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

<400> 888

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 889  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> LC [hu anti-[CDH19](#)] 25F8.1 (1-235) (K45Q, S102A, D111E)  
VL]::huLLC-C2

<400> 889

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln



Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 891  
<211> 216  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti-CDH19] 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL)::huLLC-C2

<400> 891

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 892

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,D111E,N135Q)  
VL]::huLLC-C2

<400> 892

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln



Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 894

<211> 216

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-[huCDH19](#)] 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A,W109Y)  
VL]::huLLC-C2

<400> 894

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45



Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 895

<211> 216

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> [hu anti-[huCDH19](#) 22D1.1 (1-235) (K45Q,S102A) VL]::huLLC-C2

<400> 895

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu

35

40

45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln  
100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
115 120 125

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
145 150 155 160

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 896

<211> 217

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19 4F7 VL]::huLLC-C1

<400> 896

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu Gly  
100 105 110

Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu  
115 120 125

Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe  
130 135 140

Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val  
145 150 155 160

Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys  
165 170 175

Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser  
180 185 190

His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu  
195 200 205

Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215

<210> 897  
<211> 212  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> LC [hu anti- $\alpha$ -CDH19] 2G6 (1-234) (D110E) VL]::huLLC-C1

<400> 897

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

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

20

25

30

Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Asn  
100 105 110

Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 898

<211> 212

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti- $\langle$ huCDH19 $\rangle$  2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL]::huLLC-C1

<400> 898

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Asn  
100 105 110

Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 899

<211> 212

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> LC [hu anti-CDH19 2G6 (1-234) (C42S,D110E) VL]::huLLC-C1

<400> 899

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



Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala  
100 105 110

Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn  
115 120 125

Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val  
130 135 140

Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu  
145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser  
165 170 175

Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser  
180 185 190

Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro  
195 200 205

Thr Glu Cys Ser  
210

<210> 901  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> 14039, 14303 - CDR-H2

<400> 901

Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 902

<211> 10

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 14027 - CDR-H3

<400> 902

Glu Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr  
1 5 10

<210> 903

<211> 10

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3

<400> 903

Glu Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Phe Gln Tyr  
1 5 10

<210> 904

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> 14059 - CDR-H3

<400> 904

Asn Tyr Ala Phe His Phe Asp Phe  
1 5

<210> 905

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2

<400> 905

Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys



1 5 10 15

Gly

<210> 906  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 906

Glu Arg Tyr Phe Asp Tyr Ser Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 907  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2

<400> 907

Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 908  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 908

Glu Thr Gly Glu Gly Tyr Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 909  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 909

Asn Tyr Ala Phe His Phe Asp Tyr

1

5

<210> 910  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 910

Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile  
1 5 10

<210> 911  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 911

Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Tyr Tyr Asp Ala Phe Asp Ile  
1 5 10

<210> 912  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 912

Glu Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro  
1 5 10

<210> 913  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 913

Asp Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Arg Tyr Phe Asp Pro  
1 5 10

<210> 914  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2

<400> 914

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 915  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 915

Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 916  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 916

Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 917  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 917

Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 918  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 918

Gly Gly Ile Gln Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 919  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 919

Gly Gly Ile Lys Leu Tyr Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 920  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3

<400> 920

Glu Gly Ser Ser Gly Tyr Tyr Arg Tyr Phe Asp Pro  
1 5 10

<210> 921  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2

<400> 921

Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 922  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1

<400> 922

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser  
1 5 10

<210> 923  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 923

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 924  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1

<400> 924

Arg Ala Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 925  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1

<400> 925

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 926  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 926

Gln Ser Tyr Glu Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 927  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 927

Gln Ser Tyr Glu Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 928  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 928

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 929  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 929

Ala Thr Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 930  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 930

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 931  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 931

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 932

<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 932

Ala Thr Tyr Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 933  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 933

Ala Ala Trp Asp Glu Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 934  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 934

Ala Ala Trp Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 935  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 935

Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 936  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 936

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 937  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 937

Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 938  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 938

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 939  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1

<400> 939

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser  
1 5 10

<210> 940  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3

<400> 940

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 941  
<211> 11  
<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1

<400> 941

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Tyr  
1 5 10

<210> 942

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3

<400> 942

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 943

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3

<400> 943

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 944

<211> 772

<212> БЕЛОК

<213> human

<400> 944

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Arg Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Lys  
20 25 30

Gln Pro Val Arg Ser His Leu Arg Val Lys Arg Gly Trp Val Trp Asn  
35 40 45

Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn Thr Thr Ser His His Ile Gly  
50 55 60

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



Lys Asn His His Val Pro Glu Gln Leu Met Lys Tyr His Thr Glu Ala  
 340 345 350

Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln Val Glu Asp Val Asp Glu Pro Pro  
 355 360 365

Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Val Phe Glu Val Phe Glu Glu Thr Pro  
 370 375 380

Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val Ser Ala Thr Asp Pro Asp Asn Arg  
 385 390 395 400

Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg Ser Lys Val Phe Asn Ile  
 405 410 415

Asn Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr Ser Asn Ser Leu Asp Arg Glu Ile  
 420 425 430

Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Ile  
 435 440 445

Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Leu Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn  
 450 455 460

Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln Tyr Tyr Glu Thr Tyr Val Cys Glu  
 465 470 475 480

Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg  
 485 490 495

Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu  
 500 505 510

Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Thr Ile Ile Asp Asn Gln Asp Asn Thr  
 515 520 525

Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Gln Glu Glu Pro  
 530 535 540

Val Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu  
 545 550 555 560

Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Val Cys Asp Cys Gly Asp Ser  
 565 570 575

Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr Gln Glu Leu Val Leu Ser Met Gly  
 580 585 590

Phe Lys Thr Glu Val Ile Ile Ala Ile Leu Ile Cys Ile Met Ile Ile  
595 600 605

Phe Gly Phe Ile Phe Leu Thr Leu Gly Leu Lys Gln Arg Arg Lys Gln  
610 615 620

Ile Leu Phe Pro Glu Lys Ser Glu Asp Phe Arg Glu Asn Ile Phe Gln  
625 630 635 640

Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile  
645 650 655

Ala Glu Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys  
660 665 670

Thr Thr Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val  
675 680 685

Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu  
690 695 700

Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr  
705 710 715 720

Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu  
725 730 735

Glu Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu Ser Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu  
740 745 750

Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys Met Phe Gly Ser Ala Val  
755 760 765

Gln Ser Asn Asn  
770

<210> 945

<211> 2319

<212> ДНК

<213> human

<400> 945

atgaactggtt atttactgct gcgttttatg ttgggaattc ctctcctatg gccttgtctt 60

ggagcaacag aaaactctca aacaaagaaa gtcaagcagc cagtgcgatc tcatttgaga 120

gtgaagcgtg gctgggtgtg gaaccaattt tttgtaccag aggaaatgaa tacgactagt 180

catcacatcg gccagctaag atctgattta gacaatggaa acaattcttt ccagtacaag 240

cttttgggag	ctggagctgg	aagtactttt	atcattgatg	aaagaacagg	tgacatatat	300
gccatacaga	agcttgatag	agaggagcga	tccctctaca	tcttaagagc	ccaggtaata	360
gacatcgcta	ctggaagggc	tgtggaacct	gagtctgagt	ttgtcatcaa	agtttcggat	420
atcaatgaca	atgaaccaa	attcctagat	gaaccttatg	aggccattgt	accagagatg	480
tctccagaag	gaacattagt	tatccaggtg	acagcaagtg	atgctgacga	tccctcaagt	540
ggtaataatg	ctcgtctcct	ctacagctta	cttcaaggcc	agccatattt	ttctgttgaa	600
ccaacaacag	gagtcataag	aatatcttct	aaaatggata	gagaactgca	agatgagtat	660
tgggtaatca	ttcaagccaa	ggacatgatt	ggtcagccag	gagcgttgtc	tggaacaaca	720
agtgtattaa	ttaaactttc	agatgttaat	gacaataagc	ctatatttaa	agaaagttta	780
taccgcttga	ctgtctctga	atctgcaccc	actgggactt	ctataggaac	aatcatggca	840
tatgataatg	acataggaga	gaatgcagaa	atggattaca	gcattgaaga	ggatgattcg	900
caaacatttg	acattattac	taatcatgaa	actcaagaag	gaatagttat	attaaaaaag	960
aaagtggatt	ttgagcacca	gaaccactac	ggtattagag	caaaagttaa	aaaccatcat	1020
gttcctgagc	agctcatgaa	gtaccacact	gaggcttcca	ccactttcat	taagatccag	1080
gtggaagatg	ttgatgagcc	tcctcttttc	ctccttccat	attatgtatt	tgaagttttt	1140
gaagaaacc	cacagggatc	atgtgtaggc	gtggtgtctg	ccacagacc	agacaatagg	1200
aaatctccta	tcaggtattc	tattactagg	agcaaagtg	tcaatatcaa	tgataatgg	1260
acaatcacta	caagtaactc	actggatcgt	gaaatcagtg	cttgggtacaa	cctaagtatt	1320
acagccacag	aaaaatacaa	tatagaacag	atctcttcga	tcccactgta	tgtgcaagtt	1380
cttaacatca	atgatcatgc	tcctgagttc	tctcaatact	atgagactta	tgtttgtgaa	1440
aatgcaggct	ctggtcaggt	aattcagact	atcagtgag	tggatagaga	tgaatccata	1500
gaagagcacc	atttttactt	taatctatct	gtagaagaca	ctaacaattc	aagttttaca	1560
atcatagata	atcaagataa	cacagctgtc	attttgacta	atagaactgg	ttttaacott	1620
caagaagaac	ctgtcttcta	catctccatc	ttaattgccg	acaatggaat	cccgctcactt	1680
acaagtacaa	acacccttac	catccatgtc	tgtgactgtg	gtgacagtgg	gagcacacag	1740
acctgccagt	accaggagct	tgtgctttcc	atgggattca	agacagaagt	catcattgct	1800
attctcattt	gcattatgat	catatttggg	tttatttttt	tgactttggg	tttaaaacaa	1860
cggagaaaac	agattctatt	tcctgagaaa	agtgaagatt	tcagagagaa	tatattccaa	1920
tatgatgatg	aaggggtgg	agaagaagat	acagaggcct	ttgatatagc	agagctgagg	1980
agtagtacca	taatgcggga	acgcaagact	cggaaaacca	caagcgtga	gatcaggagc	2040
ctatacaggc	agtctttgca	agttggcccc	gacagtgcc	tattcaggaa	attcattctg	2100
gaaaagctcg	aagaagctaa	tactgatccg	tgtgccctc	cttttgatc	cctocagacc	2160

tacgcttttg agggaacagg gtcattagct ggatccctga gctccttaga atcagcagtc 2220  
tctgatcagg atgaaagcta tgattacctt aatgagttgg gacctcgctt taaaagatta 2280  
gcatgcatgt ttggttctgc agtgcagtca aataattag 2319

<210> 946  
<211> 772  
<212> BEJOK  
<213> cynomolgus

<400> 946

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Pro Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Gln  
20 25 30

Gln Pro Val Gly Ser His Leu Arg Val Lys Arg Gly Trp Val Trp Asn  
35 40 45

Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn Thr Thr Ser His His Val Gly  
50 55 60

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

Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Thr Phe Ile Ile Asp Glu Arg Thr  
85 90 95

Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Glu Lys Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu  
100 105 110

Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Ile Thr Thr Gly Arg Ala Val  
115 120 125

Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Lys Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn  
130 135 140

Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met  
145 150 155 160

Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln Val Thr Ala Ser Asp Ala Asp  
165 170 175

Asp Pro Ser Ser Gly Asn Asn Ala Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln  
180 185 190

Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile  
195 200 205

Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile  
 210 215 220

Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Gln Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr  
 225 230 235 240

Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe  
 245 250 255

Lys Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Thr Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly  
 260 265 270

Thr Ser Ile Gly Thr Ile Met Ala Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn  
 275 280 285

Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Glu Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp  
 290 295 300

Ile Ile Thr Asn His Glu Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys  
 305 310 315 320

Lys Val Asn Phe Glu His Gln Asn His Tyr Gly Ile Arg Ala Lys Val  
 325 330 335

Lys Asn His His Val Asp Glu Gln Leu Met Lys Tyr His Thr Glu Ala  
 340 345 350

Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln Val Glu Asp Val Asp Glu Pro Pro  
 355 360 365

Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Phe Glu Ile Phe Glu Glu Thr Pro  
 370 375 380

Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val Ser Ala Thr Asp Pro Asp Asn Arg  
 385 390 395 400

Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg Ser Lys Val Phe Asn Ile  
 405 410 415

Asp Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr Thr Asn Ser Leu Asp Arg Glu Ile  
 420 425 430

Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Ile  
 435 440 445

Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Val Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn  
 450 455 460

Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln Tyr Tyr Glu Ser Tyr Val Cys Glu  
 465 470 475 480

Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg  
 485 490 495

Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu  
 500 505 510 515

Asp Thr Asn Ser Ser Ser Phe Thr Ile Ile Asp Asn Gln Asp Asn Thr  
 515 520 525

Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Gln Glu Glu Pro  
 530 535 540

Ile Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu  
 545 550 555 560

Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Val Cys Asp Cys Asp Asp Ser  
 565 570 575

Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr Gln Glu Leu Met Leu Ser Met Gly  
 580 585 590

Phe Lys Thr Glu Val Ile Ile Ala Ile Leu Ile Cys Ile Met Val Ile  
 595 600 605

Phe Gly Phe Ile Phe Leu Thr Leu Gly Leu Lys Gln Arg Arg Lys Gln  
 610 615 620

Ile Leu Phe Pro Glu Lys Ser Glu Asp Phe Arg Glu Asn Ile Phe Arg  
 625 630 635 640

Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Val  
 645 650 655

Ala Ala Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys  
 660 665 670

Thr Thr Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val  
 675 680 685

Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu  
 690 695 700

Glu Ala Asp Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr  
 705 710 715 720



Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu  
725 730 735

Glu Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu Ser Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu  
740 745 750

Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys Met Phe Gly Ser Ala Val  
755 760 765

Gln Ser Asn Asn  
770

<210> 947  
<211> 2319  
<212> ДНК  
<213> cynomolgus

<400> 947  
atgaattggt atttactgct gccttttatg ttgggaattc ctctcctatg gccttgtcctt 60  
ggagcaacag aaaactctca aacaaagaaa gtccagcagc cagtaggatc tcatctgaga 120  
gtgaagcgtg gctgggtgtg gaaccaatth tttgtaccag aggaaatgaa tacgactagt 180  
catcacgttg gccggctaag atctgattta gacaatggaa acaattcttt ccagtacaag 240  
cttttgggag ctggagctgg aagtactttt atcattgatg aaagaacagg tgacatatat 300  
gcatagaga agcttgatag agaggagcga tccctctaca tcttaagagc ccaggtaata 360  
gacatcacta ctggaagggc tgtggaacct gagtctgagt ttgtcatcaa agtttoggat 420  
atcaatgaca atgaaccaa attcctagat gaaccttatg aggccattgt accagagatg 480  
tctccagaag gaacattagt catccaggtg acagcaagtg atgctgatga cccttcaagt 540  
ggtaataatg ctcgtctcct ctacagctta ttacaaggcc agccatattt ttctgttgaa 600  
ccaacaacag gagtcataag aatatcttct aaaatggata gagaactgca agatgagtat 660  
tgggtaatca ttcaagcaa ggacatgatt ggtcagccag gagcgttgtc tggaacaacg 720  
agtgtattaa ttaaactttc agatgttaat gacaataagc ctatatttaa agaaagttha 780  
taccgcctga cggctctctga atctgcaccc actgggactt ctataggaac aatcatggca 840  
tatgataatg acataggaga gaatgcagaa atggattaca gcattgaaga ggatgattca 900  
cagacatttg acattattac taatcatgaa actcaagaag gaatagttat attaaaaaag 960  
aaagtgaatt ttgagcacca gaaccactat ggtattagag caaaagttaa aaaccatcat 1020  
gttgatgagc agctcatgaa ataccacact gaagcttcca ccactttcat taagatccag 1080  
gtggaagatg ttgatgagcc tcctcttttc ctcttccgt attacatatt tgaaatthtt 1140  
gaagaaacc cacaaggatc atttgtaggc gtggtgtctg ccacagacc agacaatagg 1200

aaatctccta tcaggtattc tattactagg agcaaagtgt tcaatatcga tgataatggt 1260  
 acaatcacta caactaactc actggatcgg gaaatcagtg cttggtacaa cctaagtatt 1320  
 acagccacag aaaaatacaa tatagagcag atctcttcga tcccagtgta tgtgcaagtt 1380  
 cttaatatca atgatcatgc tcctgagttc tctcaatact atgagagtta tgtttgtgaa 1440  
 aatgcaggct ctggtcagggt aattcagact atcagtgtagc tggatagaga tgaatccata 1500  
 gaagagcacc atttttactt taatctatct gtagaagaca ctaactcttc aagttttaca 1560  
 atcatagaca atcaagataa cacagctgtc attttgacta atagaactgg ttttaacctt 1620  
 caagaagagc ccatcttcta catctccatc ttaattgccg acaatggaat cccgtcactt 1680  
 acaagtacaa acacccttac catccatgtc tgtgactgtg atgacagtggt gagcacacag 1740  
 acctgccagt accaggagct tatgctttcc atgggattca agacagaagt catcattgct 1800  
 attctcattt gcattatggt aatatttggg tttatTTTTT tgactttggg tttaaaacaa 1860  
 cggagaaaac agattctatt tcctgagaaa agtgaagatt tcagagagaa tatattccga 1920  
 tatgatgacg aaggggggtgg agaagaagat acagaggcct ttgacgtagc agcgctgagg 1980  
 agtagcacca taatgcggga acgcaagact cggaaaacca ccagcgctga gatcaggagc 2040  
 ctatacaggc agtctttgca agttggcccc gacagtgcc a tattcaggaa gttcatcctg 2100  
 gaaaagctcg aagaagctga tactgatccg tgtgccctc cttttgattc cctccagacc 2160  
 tacgcttttg agggaacagg gtcattagct ggatccctga gctccttaga atcagctgtc 2220  
 tctgatcagg atgaaagcta tgattacctt aacgagttgg gacctcgctt taaaagatta 2280  
 gcatgcatgt ttggttctgc agtgcagtca aataattag 2319

<210> 948  
 <211> 596  
 <212> BEJOK  
 <213> human

<400> 948

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Arg Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
 1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Lys  
 20 25 30

Gln Pro Val Arg Ser His Leu Arg Val Lys Arg Gly Trp Val Trp Asn  
 35 40 45

Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn Thr Thr Ser His His Ile Gly  
 50 55 60

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

Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Thr Phe Ile Ile Asp Glu Arg Thr  
 85 90 95

Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu  
 100 105 110

Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Ile Ala Thr Gly Arg Ala Val  
 115 120 125

Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Lys Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn  
 130 135 140

Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met  
 145 150 155 160

Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln Val Thr Ala Ser Asp Ala Asp  
 165 170 175

Asp Pro Ser Ser Gly Asn Asn Ala Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln  
 180 185 190

Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile  
 195 200 205

Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile  
 210 215 220

Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Gln Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr  
 225 230 235 240

Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe  
 245 250 255

Lys Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Thr Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly  
 260 265 270

Thr Ser Ile Gly Thr Ile Met Ala Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn  
 275 280 285

Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Glu Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp  
 290 295 300

Ile Ile Thr Asn His Glu Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys  
 305 310 315 320

Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr Gly Ile Arg Ala Lys Val  
 325 330 335

Lys Asn His His Val Pro Glu Gln Leu Met Lys Tyr His Thr Glu Ala  
 340 345 350

Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln Val Glu Asp Val Asp Glu Pro Pro  
 355 360 365

Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Val Phe Glu Val Phe Glu Glu Thr Pro  
 370 375 380

Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val Ser Ala Thr Asp Pro Asp Asn Arg  
 385 390 395 400

Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg Ser Lys Val Phe Asn Ile  
 405 410 415

Asn Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr Ser Asn Ser Leu Asp Arg Glu Ile  
 420 425 430

Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Ile  
 435 440 445

Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Leu Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn  
 450 455 460

Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln Tyr Tyr Glu Thr Tyr Val Cys Glu  
 465 470 475 480

Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg  
 485 490 495

Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu  
 500 505 510

Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Thr Ile Ile Asp Asn Gln Asp Asn Thr  
 515 520 525

Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Gln Glu Glu Pro  
 530 535 540

Val Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu  
 545 550 555 560

Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Val Cys Asp Cys Gly Asp Ser  
 565 570 575

Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr Gln Glu Leu Val Leu Ser Met Gly  
 580 585 590

Phe Lys Thr Glu  
595

<210> 949  
<211> 1788  
<212> ДНК  
<213> human

<400> 949  
atgaactggt atttactgct gcgttttatg ttgggaattc ctctcctatg gccttgtctt 60  
ggagcaacag aaaactctca aacaaagaaa gtcaagcagc cagtgcgatc tcatttgaga 120  
gtgaagcgtg gctgggtgtg gaaccaatth tttgtaccag aggaaatgaa tacgactagt 180  
catcacatcg gccagctaag atctgattta gacaatggaa acaattcttt ccagtacaag 240  
cttttgggag ctggagctgg aagtactttt atcattgatg aaagaacagg tgacatatat 300  
gccatacaga agcttgatag agaggagcga tccctctaca tcttaagagc ccaggtaata 360  
gacatcgcta ctggaagggc tgtggaacct gagtctgagt ttgtcatcaa agtttcggat 420  
atcaatgaca atgaaccaa attcctagat gaaccttatg aggccattgt accagagatg 480  
tctccagaag gaacattagt tatccagggtg acagcaagtg atgctgacga tccctcaagt 540  
ggtaataatg ctcgtctcct ctacagctta cttcaaggcc agccatattt ttctgttgaa 600  
ccaacaacag gagtcataag aatatcttct aaaatggata gagaactgca agatgagtat 660  
tggtgaaatca ttcaagccaa ggacatgatt ggtcagccag gagcgttgtc tggaacaaca 720  
agtgtattaa ttaaactttc agatgttaat gacaataagc ctatatttaa agaaagttaa 780  
taccgcttga ctgtctctga atctgcaccc actgggactt ctataggaac aatcatggca 840  
tatgataatg acataggaga gaatgcagaa atggattaca gcattgaaga ggatgattcg 900  
caaacatttg acattattac taatcatgaa actcaagaag gaatagttat attaaaaaag 960  
aaagtggatt ttgagcacca gaaccactac ggtattagag caaaagttaa aaaccatcat 1020  
gttcctgagc agctcatgaa gtaccacact gaggcttcca cacttttcat taagatccag 1080  
gtggaagatg ttgatgagcc tcctcttttc ctcttccat attatgtatt tgaagttttt 1140  
gaagaaacc caccaggatc atttgtaggc gtggtgtctg ccacagacc agacaatagg 1200  
aaatctccta tcaggatttc tattactagg agcaaagtgt tcaatatcaa tgataatgg 1260  
acaatcacta caagtaactc actggatcgt gaaatcagtg cttggtacaa cctaagtatt 1320  
acagccacag aaaaatacaa tatagaacag atctcttcga tcccactgta tgtgcaagtt 1380  
cttaacatca atgatcatgc tcctgagttc tctcaatact atgagactta tgtttgtgaa 1440  
aatgcaggct ctggtcagggt aattcagact atcagtgcag tggatagaga tgaatccata 1500  
gaagagcacc atttttactt taatctatct gtagaagaca ctaacaatc aagttttaca 1560

atcatagata atcaagataa cacagctgtc attttgacta atagaactgg ttttaacctt 1620  
caagaagaac ctgtcttcta catctccatc ttaattgccg acaatggaat cccgtcactt 1680  
acaagtacaa acacccttac catccatgtc tgtgactgtg gtgacagtgg gagcacacag 1740  
acctgccagt accaggagct tgtgctttcc atgggattca agacagaa 1788

<210> 950  
<211> 624  
<212> BEJOK  
<213> human

<400> 950

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Arg Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Lys  
20 25 30

Gln Pro Val Arg Ser His Leu Arg Val Lys Arg Gly Trp Val Trp Asn  
35 40 45

Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn Thr Thr Ser His His Ile Gly  
50 55 60

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

Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Thr Phe Ile Ile Asp Glu Arg Thr  
85 90 95

Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu  
100 105 110

Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Ile Ala Thr Gly Arg Ala Val  
115 120 125

Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Lys Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn  
130 135 140

Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met  
145 150 155 160

Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln Val Thr Ala Ser Asp Ala Asp  
165 170 175

Asp Pro Ser Ser Gly Asn Asn Ala Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln  
180 185 190

Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile  
 195 200 205

Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile  
 210 215 220

Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Gln Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr  
 225 230 235 240

Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe  
 245 250 255

Lys Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Thr Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly  
 260 265 270

Thr Ser Ile Gly Thr Ile Met Ala Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn  
 275 280 285

Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Glu Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp  
 290 295 300

Ile Ile Thr Asn His Glu Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys  
 305 310 315 320

Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr Gly Ile Arg Ala Lys Val  
 325 330 335

Lys Asn His His Val Pro Glu Gln Leu Met Lys Tyr His Thr Glu Ala  
 340 345 350

Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln Val Glu Asp Val Asp Glu Pro Pro  
 355 360 365

Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Val Phe Glu Val Phe Glu Glu Thr Pro  
 370 375 380

Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val Ser Ala Thr Asp Pro Asp Asn Arg  
 385 390 395 400

Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg Ser Lys Val Phe Asn Ile  
 405 410 415

Asn Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr Ser Asn Ser Leu Asp Arg Glu Ile  
 420 425 430

Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Ile  
 435 440 445

Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Leu Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn  
450 455 460

Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln Tyr Tyr Glu Thr Tyr Val Cys Glu  
465 470 475 480

Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg  
485 490 495

Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu  
500 505 510

Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Thr Ile Ile Asp Asn Gln Asp Asn Thr  
515 520 525

Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Gln Glu Glu Pro  
530 535 540

Val Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu  
545 550 555 560

Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Val Cys Asp Cys Gly Asp Ser  
565 570 575

Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr Gln Glu Leu Val Leu Ser Met Gly  
580 585 590

Phe Lys Thr Glu Val Ile Ile Ala Ile Leu Ile Cys Ile Met Ile Ile  
595 600 605

Phe Gly Phe Ile Phe Leu Thr Leu Gly Leu Lys Gln Arg Arg Lys Gln  
610 615 620

<210> 951  
<211> 1872  
<212> ДНК  
<213> human

<400> 951  
atgaactggt atttactgct gcgttttatg ttgggaattc ctctcctatg gccttgtcct 60  
ggagcaacag aaaactctca aacaaagaaa gtcaagcagc cagtgcgatc tcatttgaga 120  
gtgaagcgtg gctgggtgtg gaaccaatth tttgtaccag aggaaatgaa tacgactagt 180  
catcacatcg gccagctaag atctgattta gacaatggaa acaattcttt ccagtacaag 240  
cttttgggag ctggagctgg aagtactttt atcattgatg aaagaacagg tgacatatat 300  
gccatacaga agctt gatag agaggagcga tccctctaca tcttaagagc ccaggtaata 360  
gacatcgcta ctggaagggc tgtggaacct gagtctgagt ttgtcatcaa agtttoggat 420



atcaatgaca atgaacaaaa attcctagat gaaccttatg aggccattgt accagagatg 480  
tctccagaag gaacattagt tatccaggtg acagcaagtg atgctgacga tccctcaagt 540  
ggtaataatg ctcgtctcct ctacagctta cttcaaggcc agccatattt ttctgttgaa 600  
ccaacaacag gagtcataag aatatcttct aaaatggata gagaactgca agatgagtat 660  
tgggtaatca ttcaagccaa ggacatgatt ggtcagccag gagcgttgtc tggaacaaca 720  
agtgtattaa ttaaactttc agatgttaat gacaataagc ctatatttaa agaaagttaa 780  
taccgcttga ctgtctctga atctgcaccc actgggactt ctataggaac aatcatggca 840  
tatgataatg acataggaga gaatgcagaa atggattaca gcattgaaga ggatgattcg 900  
caaacatttg acattattac taatcatgaa actcaagaag gaatagttat attaaaaaag 960  
aaagtggatt ttgagcacca gaaccactac ggtattagag caaaagttaa aaaccatcat 1020  
gttcctgagc agctcatgaa gtaccacact gaggcttcca ccactttcat taagatccag 1080  
gtggaagatg ttgatgagcc tcctcttttc ctcttccat attatgtatt tgaagttttt 1140  
gaagaaacc cacagggatc atttgtaggc gtggtgtctg ccacagacc agacaatagg 1200  
aaatctccta tcaggtattc tattactagg agcaaagtgt tcaatatcaa tgataatggt 1260  
acaatcacta caagtaactc actggatcgt gaaatcagtg cttggtacaa cctaagtatt 1320  
acagccacag aaaaatacaa tatagaacag atctcttcga tcccactgta tgtgcaagtt 1380  
cttaacatca atgatcatgc tcctgagttc tctcaatact atgagactta tgtttgtgaa 1440  
aatgcaggct ctggtcaggt aattcagact atcagtgagc tggatagaga tgaatccata 1500  
gaagagcacc atttttactt taatctatct gtagaagaca ctaacaattc aagttttaca 1560  
atcatagata atcaagataa cacagctgtc attttgacta atagaactgg ttttaacott 1620  
caagaagaac ctgtcttcta catctccatc ttaattgccg acaatggaat cccgtcactt 1680  
acaagtacaa acacccttac catccatgtc tgtgactgtg gtgacagtgg gagcacacag 1740  
acctgccagt accaggagct tgtgctttcc atgggattca agacagaagt catcattgct 1800  
attctcattt gcattatgat catatgtggg tttatTTTTT tgactttggg tttaaaaaaa 1860  
cggagaaaaac ag 1872

<210> 952

<211> 729

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> huCDH19 (44-141) muCDH19 (140-770)

<400> 952

Gly Trp Val Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn Thr Thr  
1 5 10 15

Ser His His Ile Gly Gln Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn  
 20 25 30

Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Thr Phe Ile  
 35 40 45

Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg  
 50 55 60

Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Ile Ala  
 65 70 75 80

Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Lys Val Ser  
 85 90 95

Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala  
 100 105 110

Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val Thr  
 115 120 125

Ala Asn Asp Ala Asp Asp Pro Ser Thr Gly Tyr His Ala Arg Ile Leu  
 130 135 140

Tyr Asn Leu Glu Arg Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr  
 145 150 155 160

Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Thr  
 165 170 175

Tyr Cys Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly Ala  
 180 185 190

Leu Ser Gly Thr Thr Thr Val Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn Asp  
 195 200 205

Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser Glu  
 210 215 220

Ser Ala Pro Ile Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp Asp  
 225 230 235 240

Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp Asp  
 245 250 255

Ser Lys Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly Ile  
 260 265 270

Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu Gln Gln Ser Tyr Tyr Gly  
 275 280 285

Ile Arg Ala Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala Pro  
 290 295 300

Ala His Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu Asp  
 305 310 315 320

Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu Ile  
 325 330 335

Pro Glu Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala Thr  
 340 345 350

Asp Pro Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly Ser  
 355 360 365

Lys Met Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Met  
 370 375 380

Leu Asp Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala Thr  
 385 390 395 400

Glu Thr Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val Gln  
 405 410 415

Val Phe Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr Glu  
 420 425 430

Thr Tyr Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile Ile  
 435 440 445

Ser Ala Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr Phe  
 450 455 460

Asn His Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr Asp  
 465 470 475 480

Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe Asn  
 485 490 495

Leu Lys Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp Asn  
 500 505 510

Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val Cys  
 515 520 525

Asp Cys Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly Leu  
530 535 540

Leu Phe Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met Ile  
545 550 555 560

Cys Val Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu Lys  
565 570 575

Gln Arg Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe Arg  
580 585 590

Glu Asn Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Ser  
595 600 605

Glu Ala Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg Glu  
610 615 620

Arg Lys Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg  
625 630 635 640

Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile  
645 650 655

Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe  
660 665 670

Asp Ser Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala Gly  
675 680 685

Ser Leu Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp Phe  
690 695 700

Asp Tyr Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser Met  
705 710 715 720

Phe Gly Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
725

<210> 953  
<211> 2190  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> huCDH19 (44-141) muCDH19 (140-770)

<400> 953  
ggctgggtgt ggaaccaatt ttttgtacca gaggaaatga atacgactag tcatcacatc

ggccagctaa gatctgattt agacaatgga aacaattctt tccagtacaa gcttttggga	120
gctggagctg gaagtacttt tatcattgat gaaagaacag gtgacatata tgccatacag	180
aagcttgata gagaggagcg atccctctac atcttaagag cccaggtaat agacatcgct	240
actggaaggg ctgtggaacc tgagtctgag tttgtcatca aagtttcgga tatcaatgac	300
aatgaacca gattcctaga tgaaccatat gaggccattg tacctgagat gtctccagaa	360
ggaacatttg tcatcaaggt gacagccaat gacgcagatg atccttcaac tggctatcat	420
gctcgcattc tatacaactt agaacgaggt caaccatact tttctgttga gccacaaca	480
ggagtcataa ggatatcttc taagatggat agagagttgc aagatacata ctgtgtaatt	540
attcaagcca aggacatgct cggtcagcct ggagccttgt ctggaacaac aaccgtatca	600
attaagctgt cagatattaa tgacaacaag ccaatattca aagaaagttt ctaccgcttc	660
actatatctg aatctgcacc cattggaaca tcaatagggg aaattatggc atatgatgat	720
gacatagggg agaatgcaga gatggagtac agcattgaag atgatgattc aaaaatattt	780
gacataatca ttgacaatga cacccaagaa gggatagtta tacttaaaaa gaaagttgat	840
tttgagcagc agagctatta tggcattaga gctaaggtta aaaactgcca tgtggatgaa	900
gagcttgcac ctgcccattg taacgcttcc acaacctaca ttaaagttca agtagaagat	960
gaagatgaac ctctgtttt cctcttacca tattacatac ttgaaattcc tgaaggaaaa	1020
ccatatggaa caattgtggg gacggtttct gccacagacc cagatcgaag acaatctcct	1080
atgagatatt atctcactgg aagcaaaatg tttgatatca atgacaatgg aacaataatc	1140
accactaaca tgcttgacag agaggtcagt gcttggtaca acttgactgt cacagctact	1200
gaaacataca atgtacaaca gatctcttca gcccatgttt atgtacaagt ctttaacatt	1260
aacgacaatg ctccagagtt ctctcaattc tatgagactt atgtttgtga aaatgctgaa	1320
tctggtgaga tagttcagat catcagtgca attgatagag atgagtccat agaagatcac	1380
catttttact ttaatcactc tctggaagac acaacaact caagttttat gctaacagac	1440
aatcaagata acacagctgt aattctgagt aatagaactg gtttcaatct taaagaagag	1500
cctgtcttct acatgatcat cttgattgct gataacggga tcccatctct cacaagcaca	1560
aacactctca ctatccaagt ctgtgactgt ggagacagta gaaacacaga aacttgtgct	1620
aacaagggac ttctctttat catgggattc agaacagagg caataattgc catcatgata	1680
tgtgttatgg taatatttgg gtttttcttt ttgattcttg ctctgaaaca gcgaagaaag	1740
gagactctat ttccagagaa gactgaagac tttagggaga atatattttg ctatgatgat	1800
gaaggcggcg ggaagaaga ctcggaagcc tttgacatcg tagagctgag acaaagtaca	1860
gtaatgagag aaagaaagcc tcagagaagc aagagtgcgg agatcaggag cttgtacagg	1920
cagtccttgc aggtggggcc agacagtgcc atatttcgaa aatttatcct agagaagctt	1980

gaagaagcca acacagaccc atgtgctccc ccctttgatt cactacagac gtttgcctat 2040  
gagggAACAG ggtcatcagc tggctctctg agctccttgg catccagaga cactgatcag 2100  
gaggatgact tcgactacct taatgacctg ggacctcgtt ttaaaagatt agcaagcatg 2160  
tttgctctg cagtacaacc caacaattag 2190

<210> 954  
<211> 729  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> huCDH19 (44-249) muCDH19 (248-770)

<400> 954

Gly Trp Val Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn Thr Thr  
1 5 10 15

Ser His His Ile Gly Gln Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn  
20 25 30

Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Thr Phe Ile  
35 40 45

Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg  
50 55 60

Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Ile Ala  
65 70 75 80

Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Lys Val Ser  
85 90 95

Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala  
100 105 110

Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln Val Thr  
115 120 125

Ala Ser Asp Ala Asp Asp Pro Ser Ser Gly Asn Asn Ala Arg Leu Leu  
130 135 140

Tyr Ser Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr  
145 150 155 160

Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Glu  
165 170 175

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

180

185

190

Leu Ser Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val Asn Asp  
 195 200 205

Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser Glu  
 210 215 220

Ser Ala Pro Ile Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp Asp  
 225 230 235 240

Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp Asp  
 245 250 255

Ser Lys Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly Ile  
 260 265 270

Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu Gln Gln Ser Tyr Tyr Gly  
 275 280 285

Ile Arg Ala Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala Pro  
 290 295 300

Ala His Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu Asp  
 305 310 315 320

Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu Ile  
 325 330 335

Pro Glu Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala Thr  
 340 345 350

Asp Pro Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly Ser  
 355 360 365

Lys Met Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Met  
 370 375 380

Leu Asp Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala Thr  
 385 390 395 400

Glu Thr Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val Gln  
 405 410 415

Val Phe Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr Glu  
 420 425 430

Thr Tyr Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile Ile

435

440

445

Ser Ala Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr Phe  
 450 455 460

Asn His Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr Asp  
 465 470 475 480

Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe Asn  
 485 490 495

Leu Lys Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp Asn  
 500 505 510

Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val Cys  
 515 520 525

Asp Cys Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly Leu  
 530 535 540

Leu Phe Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met Ile  
 545 550 555 560

Cys Val Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu Lys  
 565 570 575

Gln Arg Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe Arg  
 580 585 590

Glu Asn Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Ser  
 595 600 605

Glu Ala Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg Glu  
 610 615 620

Arg Lys Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg  
 625 630 635 640

Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile  
 645 650 655

Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe  
 660 665 670

Asp Ser Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala Gly  
 675 680 685

Ser Leu Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp Phe



690

695

700

Asp Tyr Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser Met  
 705 710 715 720

Phe Gly Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
 725

&lt;210&gt; 955

&lt;211&gt; 2190

&lt;212&gt; ДНК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; huCDH19 (44-249) muCDH19 (248-770)

&lt;400&gt; 955

ggctgggtgt ggaaccaatt ttttgtacca gaggaaatga atacgactag tcatcacatc 60  
 ggccagctaa gatctgattt agacaatgga aacaattctt tccagtacaa gcttttggga 120  
 gctggagctg gaagtacttt tatcattgat gaaagaacag gtgacatata tgccatacag 180  
 aagcttgata gagaggagcg atccctctac atcttaagag cccaggtaat agacatcgct 240  
 actggaaggg ctgtggaacc tgagtctgag tttgtcatca aagtttcgga tatcaatgac 300  
 aatgaaccaa aattcctaga tgaaccttat gaggccattg taccagagat gtctccagaa 360  
 ggaacattag ttatccaggt gacagcaagt gatgctgacg atccctcaag tggtaataat 420  
 gctcgtctcc tctacagctt acttcaaggc cagccatatt tttctggtga accaacaaca 480  
 ggagtcataa gaatatcttc taaaatggat agagaactgc aagatgagta ttgggtaatc 540  
 attcaagcca aggacatgat tggtcagcca ggagcgttgt ctggaacaac aagtgtatta 600  
 attaaacttt cagatgtaa tgacaacaag ccaatattca aagaaagttt ctaccgcttc 660  
 actatatctg aatctgcacc cattggaaca tcaatagga aaattatggc atatgatgat 720  
 gacatagggg agaatgcaga gatggagtac agcattgaag atgatgattc aaaaatattt 780  
 gacataatca ttgacaatga cacccaagaa gggatagtta tacttaaaaa gaaagttgat 840  
 tttgagcagc agagctatta tggcattaga gctaaggtta aaaactgcca tgtggatgaa 900  
 gagcttgcac ctgcccattg taacgcttcc acaacctaca ttaaagttca agtagaagat 960  
 gaagatgaac ctctgtttt cctcttacca tattacatac ttgaaattcc tgaaggaaaa 1020  
 ccatatggaa caattgtggg gacggtttct gccacagacc cagatcgaag acaatctcct 1080  
 atgagatatt atctcactgg aagcaaaatg tttgatatca atgacaatgg aacaataatc 1140  
 accactaaca tgcttgacag agaggtcagt gcttgggtaca acttgactgt cacagctact 1200  
 gaaacataca atgtacaaca gatctcttca gcccatgttt atgtacaagt ctttaacatt 1260  
 aacgacaatg ctccagagtt ctctcaattc tatgagactt atgtttgtga aaatgctgaa 1320

tctggtgaga tagttcagat catcagtgca attgatagag atgagtccat agaagatcac 1380  
catttttact ttaatcactc tctggaagac acaaacaact caagttttat gctaacagac 1440  
aatcaagata acacagctgt aattctgagt aatagaactg gtttcaatct taaagaagag 1500  
cctgtcttct acatgatcat cttgattgct gataacggga tcccatctct cacaagcaca 1560  
aacactctca ctatccaagt ctgtgactgt ggagacagta gaaacacaga aacttgtgct 1620  
aacaagggac ttctctttat catgggattc agaacagagg caataattgc catcatgata 1680  
tgtgttatgg taatatttgg gtttttcttt ttgattcttg ctctgaaaca gcgaagaaag 1740  
gagactctat ttccagagaa gactgaagac tttagggaga atatattttg ctatgatgat 1800  
gaaggcggcg gggaagaaga ctcggaagcc tttgacatcg tagagctgag acaaagtaca 1860  
gtaatgagag aaagaaagcc tcagagaagc aagagtgcgg agatcaggag cttgtacagg 1920  
cagtccttgc aggtgggccc agacagtgcc atatttcgaa aatttatcct agagaagctt 1980  
gaagaagcca acacagaccc atgtgctccc ccctttgatt cactacagac gtttgctat 2040  
gagggaaacag ggtcatcagc tggctctctg agctccttgg catccagaga cactgatcag 2100  
gaggatgact tcgactacct taatgacctg ggacctcgtt ttaaaagatt agcaagcatg 2160  
tttggtctctg cagtacaacc caacaattag 2190

<210> 956

<211> 727

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> muCDH19 (44-139) huCDH19 (142-249) muCDH19 (248-770)

<400> 956

Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met Asp Asp Ile  
1 5 10 15

Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn Ser  
20 25 30

Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe Ser Ile Asn  
35 40 45

Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu  
50 55 60

Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr Thr Ile Gly  
65 70 75 80

Lys Ala Val Glu Thr Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val Leu Asp Ile  
85 90 95

Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val  
 100 105 110

Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln Val Thr Ala Ser  
 115 120 125

Asp Ala Asp Asp Pro Ser Ser Gly Asn Asn Ala Arg Leu Leu Tyr Ser  
 130 135 140

Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr Gly Val  
 145 150 155 160

Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Glu Tyr Trp  
 165 170 175

Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Gln Pro Gly Ala Leu Ser  
 180 185 190

Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val Asn Asp Asn Lys  
 195 200 205

Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser Glu Ser Ala  
 210 215 220

Pro Ile Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp Asp Asp Ile  
 225 230 235 240

Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp Asp Ser Lys  
 245 250 255

Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile  
 260 265 270

Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu Gln Gln Ser Tyr Tyr Gly Ile Arg  
 275 280 285

Ala Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala Pro Ala His  
 290 295 300

Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu Asp Glu Asp  
 305 310 315 320

Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu Ile Pro Glu  
 325 330 335

Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala Thr Asp Pro  
 340 345 350

Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly Ser Lys Met  
 355 360 365

Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Met Leu Asp  
 370 375 380

Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr  
 385 390 395 400

Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val Gln Val Phe  
 405 410 415

Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr Glu Thr Tyr  
 420 425 430

Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile Ile Ser Ala  
 435 440 445

Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr Phe Asn His  
 450 455 460

Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr Asp Asn Gln  
 465 470 475 480

Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Lys  
 485 490 495

Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile  
 500 505 510

Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val Cys Asp Cys  
 515 520 525

Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly Leu Leu Phe  
 530 535 540

Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met Ile Cys Val  
 545 550 555 560

Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu Lys Gln Arg  
 565 570 575

Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe Arg Glu Asn  
 580 585 590

Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Ser Glu Ala  
 595 600 605

Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg Glu Arg Lys  
610 615 620

Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser  
625 630 635 640

Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu  
645 650 655

Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser  
660 665 670

Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala Gly Ser Leu  
675 680 685

Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp Phe Asp Tyr  
690 695 700

Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser Met Phe Gly  
705 710 715 720

Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
725

<210> 957  
<211> 2184  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> muCDH19 (44-139) huCDH19 (142-249) muCDH19 (248-770)

<400> 957  
gcctgggtgt ggagaccatt tgttggttcta gaagaaatgg atgatataca atgtggttggg 60  
aagctaagat ctgacttaga caatggaaac aactctttcc agtacaagct actggggatt 120  
ggcgctggaa gcttttagcat taatgaaaga acaggtgaaa tatgtgccat acagaagctt 180  
gatagagagg aaaaatcctt ctacattctg agagcccagg taatagacac cactattggg 240  
aaggctgtgg aaactgaatc cgagtttgtc atcagagttt tggatatcaa tgacaatgaa 300  
ccaaaattcc tagatgaacc ttatgaggcc attgtaccag agatgtctcc agaaggaaca 360  
ttagttatcc aggtgacagc aagtgatgct gacgatccct caagtggtaa taatgctcgt 420  
ctcctctaca gcttacttca aggccagcca tatttttctg ttgaaccaac aacaggagtc 480  
ataagaatat cttctaaaat ggatagagaa ctgcaagatg agtattgggt aatcattcaa 540  
gccaaggaca tgattggtca gccaggagcg ttgtctggaa caacaagtgt attaattaa 600  
ctttcagatg ttaatgaaa caagccaata ttcaaagaaa gtttctaccg cttcactata 660

tctgaatctg caccattgg aacatcaata gggaaaatta tggcatatga tgatgacata	720
ggggagaatg cagagatgga gtacagcatt gaagatgatg attcaaaaat atttgacata	780
atcattgaca atgacacca agaagggata gttatactta aaaagaaagt tgattttgag	840
cagcagagct attatggcat tagagctaag gttaaaaact gccatgtgga tgaagagctt	900
gcacctgccc atgttaacgc ttccacaacc tacattaaag ttcaagtaga agatgaagat	960
gaacctcctg ttttcctctt accatattac atacttgaaa ttcttgaagg aaaaccatat	1020
ggaacaattg tggggacggg ttctgccaca gaccagatc gaagacaatc tcctatgaga	1080
tattatctca ctggaagcaa aatgtttgat atcaatgaca atggaacaat aatcaccact	1140
aacatgcttg acagagaggc cagtgcttgg tacaacttga ctgtcacagc tactgaaaca	1200
tacaatgtac aacagatctc ttcagcccat gtttatgtac aagtctttaa cattaacgac	1260
aatgctccag agttctctca attctatgag acttatgttt gtgaaaatgc tgaatctggt	1320
gagatagttc agatcatcag tgcaattgat agagatgagt ccatagaaga tcaccatttt	1380
tactttaatc actctctgga agacacaaac aactcaagtt ttatgctaac agacaatcaa	1440
gataacacag ctgtaattct gagtaataga actggtttca atcttaaaga agagcctgtc	1500
ttctacatga tcatcttgat tgctgataac gggatcccat ctctcacaag cacaaacact	1560
ctcactatcc aagtctgtga ctgtggagac agtagaaaca cagaaacttg tgctaacaag	1620
ggacttctct ttatcatggg attcagaaca gaggcaataa ttgccatcat gatatgtggt	1680
atggtaatat ttgggttttt ctttttgatt cttgctctga aacagcgaag aaaggagact	1740
ctatttccag agaagactga agactttagg gagaatatat tttgctatga tgatgaaggc	1800
ggcggggaag aagactcggg agcctttgac atcgtagagc tgagacaaag tacagtaatg	1860
agagaaagaa agcctcagag aagcaagagt gcggagatca ggagcttgta caggcagtcc	1920
ctgcaggtgg gccagacag tgccatattt cgaaaattta tcctagagaa gcttgaagaa	1980
gccaacacag acccatgtgc tcccccttt gattcactac agacgtttgc ctatgagggg	2040
acagggatcat cagctggctc tctgagctcc ttggcatcca gagacactga tcaggaggat	2100
gacttcgact accttaatga cctgggacct cgttttaaaa gattagcaag catgtttggc	2160
tctgcagtac aaccsaaca ttag	2184

<210> 958  
 <211> 727  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> muCDH19 (44-139) huCDH19 (142-364) muCDH19 (363-770)

<400> 958

Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met Asp Asp Ile



260

265

270

Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr Gly Ile Arg  
 275 280 285

Ala Lys Val Lys Asn His His Val Pro Glu Gln Leu Met Lys Tyr His  
 290 295 300

Thr Glu Ala Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln Val Glu Asp Val Asp  
 305 310 315 320

Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu Ile Pro Glu  
 325 330 335

Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala Thr Asp Pro  
 340 345 350

Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly Ser Lys Met  
 355 360 365

Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Met Leu Asp  
 370 375 380

Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr  
 385 390 395 400

Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val Gln Val Phe  
 405 410 415

Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr Glu Thr Tyr  
 420 425 430

Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile Ile Ser Ala  
 435 440 445

Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr Phe Asn His  
 450 455 460

Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr Asp Asn Gln  
 465 470 475 480

Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Lys  
 485 490 495

Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile  
 500 505 510

Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val Cys Asp Cys



515

520

525

Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly Leu Leu Phe  
 530 535 540

Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met Ile Cys Val  
 545 550 555 560

Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu Lys Gln Arg  
 565 570 575

Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe Arg Glu Asn  
 580 585 590

Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Ser Glu Ala  
 595 600 605

Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg Glu Arg Lys  
 610 615 620

Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser  
 625 630 635 640

Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu  
 645 650 655

Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser  
 660 665 670

Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala Gly Ser Leu  
 675 680 685

Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp Phe Asp Tyr  
 690 695 700

Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser Met Phe Gly  
 705 710 715 720

Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
 725

<210> 959

<211> 2184

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> C137847 muCDH19 (44-139) huCDH19 (142-364) muCDH19 (363-770)

<400> 959

gcctgggtgt	ggagaccatt	tgttgttcta	gaagaaatgg	atgatataca	atgtgttgga	60
aagctaagat	ctgacttaga	caatggaaac	aactctttcc	agtacaagct	actggggatt	120
ggcgctggaa	gcttttagcat	taatgaaaga	acaggtgaaa	tatgtgccat	acagaagctt	180
gatagagagg	aaaaatccct	ctacattctg	agagcccagg	taatagacac	cactattggg	240
aaggctgtgg	aaactgaatc	cgagtttgtc	atcagagttt	tgatatcaa	tgacaatgaa	300
ccaaaattcc	tagatgaacc	ttatgaggcc	attgtaccag	agatgtctcc	agaaggaaca	360
ttagttatcc	aggtgacagc	aagtgatgct	gacgatccct	caagtggtaa	taatgctcgt	420
ctcctctaca	gcttacttca	aggccagcca	tatTTTTctg	ttgaaccaac	aacaggagtc	480
ataagaatat	cttctaaaat	ggatagagaa	ctgcaagatg	agtattgggt	aatcattcaa	540
gccaaggaca	tgattggtca	gccaggagcg	ttgtctggaa	caacaagtgt	attaattaaa	600
ctttcagatg	ttaatgacaa	taagcctata	tttaaagaaa	gtttataccg	cttgactgtc	660
tctgaatctg	caccactgg	gacttctata	ggaacaatca	tggcatatga	taatgacata	720
ggagagaatg	cagaaatgga	ttacagcatt	gaagaggatg	attcgcaaac	atttgacatt	780
attactaatc	atgaaactca	agaaggaata	gttatattaa	aaaagaaagt	ggatTTTgag	840
caccagaacc	actacggtat	tagagcaaaa	gttaaaaacc	atcatgttcc	tgagcagctc	900
atgaagtacc	acactgaggc	ttccaccact	ttcattaaga	tccaggtgga	agatgttgat	960
gaacctcctg	TTTTcctctt	accatattac	atacttgaaa	ttcctgaagg	aaaaccatat	1020
ggaacaattg	tggggacggt	ttctgccaca	gaccagatc	gaagacaatc	tcctatgaga	1080
tattatctca	ctggaagcaa	aatgtttgat	atcaatgaca	atggaacaat	aatcaccact	1140
aacatgcttg	acagagaggt	cagtgcttgg	tacaacttga	ctgtcacagc	tactgaaaca	1200
tacaatgtac	aacagatctc	ttcagcccat	gtttatgtac	aagtctttaa	cattaacgac	1260
aatgctccag	agttctctca	attctatgag	acttatgttt	gtgaaaatgc	tgaatctggt	1320
gagatagttc	agatcatcag	tgcaattgat	agagatgagt	ccatagaaga	tcaccatTTT	1380
tactTTaatc	actctctgga	agacacaaac	aactcaagtt	ttatgctaac	agacaatcaa	1440
gataacacag	ctgtaattct	gagtaataga	actggtttca	atcttaaaga	agagcctgtc	1500
ttctacatga	tcatcttgat	tgctgataac	gggatcccat	ctctcacaag	cacaaacact	1560
ctcactatcc	aagtctgtga	ctgtggagac	agtagaaaca	cagaaacttg	tgctaacaag	1620
ggacttctct	ttatcatggg	attcagaaca	gaggcaataa	ttgccatcat	gatatgtggt	1680
atggtaatat	ttgggtTTTT	ctTTTTgatt	cttgctctga	aacagcgaag	aaaggagact	1740
ctatttccag	agaagactga	agacttttagg	gagaatatat	tttgctatga	tgatgaaggc	1800
ggcggggaag	aagactcggg	agcctttgac	atcgtagagc	tgagacaaaag	tacagtaatg	1860
agagaaagaa	agcctcagag	aagcaagagt	gcggagatca	ggagcttgta	caggcagtcc	1920

ctgcaggtgg gccagacag tgccatattt cgaaaattta tcctagagaa gcttgaagaa 1980  
 gccaacacag acccatgtgc tccccctttt gattcactac agacgtttgc ctatgagggg 2040  
 acaggtcat cagctggctc tctgagctcc ttggcatcca gagacactga tcaggaggat 2100  
 gacttcgact accttaatga cctgggacct cgttttaaaa gattagcaag catgtttggc 2160  
 tctgcagtac aaccaacaa ttag 2184

<210> 960

<211> 727

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> C137911 muCDH19 (44-247) huCDH19 (250-364) muCDH19 (363-770)

<400> 960

Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met Asp Asp Ile  
 1 5 10 15

Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn Ser  
 20 25 30

Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe Ser Ile Asn  
 35 40 45

Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu  
 50 55 60

Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr Thr Ile Gly  
 65 70 75 80

Lys Ala Val Glu Thr Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val Leu Asp Ile  
 85 90 95

Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val  
 100 105 110

Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val Thr Ala Asn  
 115 120 125

Asp Ala Asp Asp Pro Ser Thr Gly Tyr His Ala Arg Ile Leu Tyr Asn  
 130 135 140

Leu Glu Arg Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr Gly Val  
 145 150 155 160

Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Thr Tyr Cys  
 165 170 175

Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly Ala Leu Ser  
 180 185 190

Gly Thr Thr Thr Val Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn Asp Asn Lys  
 195 200 205

Pro Ile Phe Lys Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Thr Val Ser Glu Ser Ala  
 210 215 220

Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Thr Ile Met Ala Tyr Asp Asn Asp Ile  
 225 230 235 240

Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Glu Asp Asp Ser Gln  
 245 250 255

Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn His Glu Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile  
 260 265 270

Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr Gly Ile Arg  
 275 280 285

Ala Lys Val Lys Asn His His Val Pro Glu Gln Leu Met Lys Tyr His  
 290 295 300

Thr Glu Ala Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln Val Glu Asp Val Asp  
 305 310 315 320

Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu Ile Pro Glu  
 325 330 335

Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala Thr Asp Pro  
 340 345 350

Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly Ser Lys Met  
 355 360 365

Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Met Leu Asp  
 370 375 380

Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr  
 385 390 395 400

Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val Gln Val Phe  
 405 410 415

Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr Glu Thr Tyr  
 420 425 430

Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile Ile Ser Ala  
 435 440 445

Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr Phe Asn His  
 450 455 460

Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr Asp Asn Gln  
 465 470 475 480

Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Lys  
 485 490 495

Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile  
 500 505 510

Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val Cys Asp Cys  
 515 520 525

Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly Leu Leu Phe  
 530 535 540

Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met Ile Cys Val  
 545 550 555 560

Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu Lys Gln Arg  
 565 570 575

Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe Arg Glu Asn  
 580 585 590

Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Ser Glu Ala  
 595 600 605

Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg Glu Arg Lys  
 610 615 620

Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser  
 625 630 635 640

Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu  
 645 650 655

Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser  
 660 665 670

Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala Gly Ser Leu  
 675 680 685

Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp Phe Asp Tyr  
690 695 700

Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser Met Phe Gly  
705 710 715 720

Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
725

<210> 961  
<211> 2184  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> C137911 muCDH19 (44-247) huCDH19 (250-364) muCDH19 (363-770)

<400> 961  
gcctgggtgt ggagaccatt tgttgttcta gaagaaatgg atgatataca atgtggttggga 60  
aagctaagat ctgacttaga caatggaac aactctttcc agtacaagct actggggatt 120  
ggcgctggaa gcttttagcat taatgaaaga acaggtgaaa tatgtgccat acagaagctt 180  
gatagagagg aaaaatccct ctacattctg agagcccagg taatagacac cactattggg 240  
aaggctgtgg aaactgaatc cgagtttgtc atcagagttt tggatatcaa tgacaatgaa 300  
cccagattcc tagatgaacc atatgaggcc attgtacctg agatgtctcc agaaggaaca 360  
tttgtcatca aggtgacagc caatgacgca gatgatcctt caactggcta tcatgctcgc 420  
atcctataca acttagaacg aggtcaacca tacttttctg ttgagccaac aacaggagtc 480  
ataaggatat cttctaagat ggatagagag ttgcaagata catactgtgt aattattcaa 540  
gccaaggaca tgctcggcca gcctggagcc ttgtctggaa caacaaccgt atcaattaag 600  
ctgtcagata ttaatgaaa taagcctata tttaaagaaa gtttataaccg cttgactgtc 660  
tctgaatctg caccactgg gacttctata ggaacaatca tggcatatga taatgacata 720  
ggagagaatg cagaaatgga ttacagcatt gaagaggatg attcgcaaac atttgacatt 780  
attactaatc atgaaactca agaaggaata gttatattaa aaaagaaagt ggattttgag 840  
caccagaacc actacggtat tagagcaaaa gttaaaaacc atcatgttcc tgagcagctc 900  
atgaagtacc aactgaggc ttccaccact ttcattaaga tccaggtgga agatgttgat 960  
gaacctcctg ttttcctctt accatattac atacttgaaa ttcttgaagg aaaaccatat 1020  
ggaacaattg tggggacggt ttctgccaca gaccagatc gaagacaatc tcctatgaga 1080  
tattatctca ctggaagcaa aatgtttgat atcaatgaca atggaacaat aatcaccact 1140  
aacatgcttg acagagaggt cagtgttgg tacaacttga ctgtcacagc tactgaaaca 1200  
tacaatgtac aacagatctc ttcagcccat gtttatgtac aagtctttaa cattaacgac 1260

aatgctccag agttctctca attctatgag acttatgttt gtgaaaatgc tgaatctggt 1320  
gagatagttc agatcatcag tgcaattgat agagatgagt ccatagaaga tcaccatttt 1380  
tactttaatc actctctgga agacacaaac aactcaagtt ttatgctaac agacaatcaa 1440  
gataacacag ctgtaattct gagtaataga actgggtttca atcttaaaga agagcctgtc 1500  
ttctacatga tcatcttgat tgctgataac gggatcccat ctctcacaag cacaaacact 1560  
ctcactatcc aagtctgtga ctgtggagac agtagaaaca cagaaacttg tgctaacaag 1620  
ggactttctct ttatcatggg attcagaaca gaggcaataa ttgccatcat gatatgtggt 1680  
atggtaatat ttgggttttt ctttttgatt cttgctctga aacagcgaag aaaggagact 1740  
ctatttccag agaagactga agactttagg gagaatatat tttgctatga tgatgaaggc 1800  
ggcggggaag aagactcggg agcctttgac atcgtagagc tgagacaaaag tacagtaatg 1860  
agagaaagaa agcctcagag aagcaagagt gcggagatca ggagcttgta caggcagtc 1920  
ctgcaggtgg gccagacag tgccatattt cgaaaattta tcctagagaa gcttgaagaa 1980  
gccaacacag acccatgtgc tcccccttt gattcactac agacgtttgc ctatgagggg 2040  
acagggatcat cagctggctc tctgagctcc ttggcatcca gagacactga tcaggaggat 2100  
gacttcgact accttaatga cctgggacct cgttttaaaa gattagcaag catgtttggc 2160  
tctgcagtac aaccsaaca ttag 2184

<210> 962

<211> 727

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> C137917 muCDH19 (44-362) huCDH19 (365-772)

<400> 962

Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met Asp Asp Ile  
1 5 10 15

Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn Ser  
20 25 30

Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe Ser Ile Asn  
35 40 45

Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu  
50 55 60

Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr Thr Ile Gly  
65 70 75 80

Lys Ala Val Glu Thr Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val Leu Asp Ile

85

90

95

Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val  
 100 105 110

Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val Thr Ala Asn  
 115 120 125

Asp Ala Asp Asp Pro Ser Thr Gly Tyr His Ala Arg Ile Leu Tyr Asn  
 130 135 140

Leu Glu Arg Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr Gly Val  
 145 150 155 160

Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Thr Tyr Cys  
 165 170 175

Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly Ala Leu Ser  
 180 185 190

Gly Thr Thr Thr Val Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn Asp Asn Lys  
 195 200 205

Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser Glu Ser Ala  
 210 215 220

Pro Ile Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp Asp Asp Ile  
 225 230 235 240

Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp Asp Ser Lys  
 245 250 255

Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile  
 260 265 270

Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu Gln Gln Ser Tyr Tyr Gly Ile Arg  
 275 280 285

Ala Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala Pro Ala His  
 290 295 300

Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu Asp Glu Asp  
 305 310 315 320

Glu Pro Pro Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Val Phe Glu Val Phe Glu  
 325 330 335

Glu Thr Pro Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val Ser Ala Thr Asp Pro



340

345

350

Asp Asn Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg Ser Lys Val  
 355 360 365

Phe Asn Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr Ser Asn Ser Leu Asp  
 370 375 380

Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Thr Glu Lys  
 385 390 395 400

Tyr Asn Ile Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Leu Tyr Val Gln Val Leu  
 405 410 415

Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln Tyr Tyr Glu Thr Tyr  
 420 425 430

Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala  
 435 440 445

Val Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His Phe Tyr Phe Asn Leu  
 450 455 460

Ser Val Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Thr Ile Ile Asp Asn Gln  
 465 470 475 480

Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Gln  
 485 490 495

Glu Glu Pro Val Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile  
 500 505 510

Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Val Cys Asp Cys  
 515 520 525

Gly Asp Ser Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr Gln Glu Leu Val Leu  
 530 535 540

Ser Met Gly Phe Lys Thr Glu Val Ile Ile Ala Ile Leu Ile Cys Ile  
 545 550 555 560

Met Ile Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Thr Leu Gly Leu Lys Gln Arg  
 565 570 575

Arg Lys Gln Ile Leu Phe Pro Glu Lys Ser Glu Asp Phe Arg Glu Asn  
 580 585 590

Ile Phe Gln Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala

595

600

605

Phe Asp Ile Ala Glu Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg Glu Arg Lys  
610 615 620

Thr Arg Lys Thr Thr Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser  
625 630 635 640

Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu  
645 650 655

Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser  
660 665 670

Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu  
675 680 685

Ser Ser Leu Glu Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu Ser Tyr Asp Tyr  
690 695 700

Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys Met Phe Gly  
705 710 715 720

Ser Ala Val Gln Ser Asn Asn  
725

<210> 963  
<211> 2184  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> C137917 muCDH19 (44-362) huCDH19 (365-772)

<400> 963

Gly Cys Cys Thr Gly Gly Gly Thr Gly Thr Gly Gly Ala Gly Ala Cys  
1 5 10 15

Cys Ala Thr Thr Thr Gly Thr Thr Gly Thr Thr Cys Thr Ala Gly Ala  
20 25 30

Ala Gly Ala Ala Ala Thr Gly Gly Ala Thr Gly Ala Thr Ala Thr Ala  
35 40 45

Cys Ala Ala Thr Gly Thr Gly Thr Thr Gly Gly Ala Ala Ala Gly Cys  
50 55 60

Thr Ala Ala Gly Ala Thr Cys Thr Gly Ala Cys Thr Thr Ala Gly Ala  
65 70 75 80

Cys Ala Ala Thr Gly Gly Ala Ala Ala Cys Ala Ala Cys Thr Cys Thr  
85 90 95

Thr Thr Cys Cys Ala Gly Thr Ala Cys Ala Ala Gly Cys Thr Ala Cys  
100 105 110

Thr Gly Gly Gly Gly Ala Thr Thr Gly Gly Cys Gly Cys Thr Gly Gly  
115 120 125

Ala Ala Gly Cys Thr Thr Thr Ala Gly Cys Ala Thr Thr Ala Ala Thr  
130 135 140

Gly Ala Ala Ala Gly Ala Ala Cys Ala Gly Gly Thr Gly Ala Ala Ala  
145 150 155 160

Thr Ala Thr Gly Thr Gly Cys Cys Ala Thr Ala Cys Ala Gly Ala Ala  
165 170 175

Gly Cys Thr Thr Gly Ala Thr Ala Gly Ala Gly Gly Ala Ala  
180 185 190

Ala Ala Ala Thr Cys Cys Cys Thr Cys Thr Ala Cys Ala Thr Thr Cys  
195 200 205

Thr Gly Ala Gly Ala Gly Cys Cys Cys Ala Gly Gly Thr Ala Ala Thr  
210 215 220

Ala Gly Ala Cys Ala Cys Cys Ala Cys Thr Ala Thr Thr Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Ala Ala Gly Gly Cys Thr Gly Thr Gly Gly Ala Ala Ala Cys Thr Gly  
245 250 255

Ala Ala Thr Cys Cys Gly Ala Gly Thr Thr Thr Gly Thr Cys Ala Thr  
260 265 270

Cys Ala Gly Ala Gly Thr Thr Thr Thr Gly Gly Ala Thr Ala Thr Cys  
275 280 285

Ala Ala Thr Gly Ala Cys Ala Ala Thr Gly Ala Ala Cys Cys Cys Ala  
290 295 300

Gly Ala Thr Thr Cys Cys Thr Ala Gly Ala Thr Gly Ala Ala Cys Cys  
305 310 315 320

Ala Thr Ala Thr Gly Ala Gly Gly Cys Cys Ala Thr Thr Gly Thr Ala  
325 330 335

Cys Cys Thr Gly Ala Gly Ala Thr Gly Thr Cys Thr Cys Cys Ala Gly  
340 345 350

Ala Ala Gly Gly Ala Ala Cys Ala Thr Thr Thr Gly Thr Cys Ala Thr  
355 360 365

Cys Ala Ala Gly Gly Thr Gly Ala Cys Ala Gly Cys Cys Ala Ala Thr  
370 375 380

Gly Ala Cys Gly Cys Ala Gly Ala Thr Gly Ala Thr Cys Cys Thr Thr  
385 390 395 400

Cys Ala Ala Cys Thr Gly Gly Cys Thr Ala Thr Cys Ala Thr Gly Cys  
405 410 415

Thr Cys Gly Cys Ala Thr Cys Cys Thr Ala Thr Ala Cys Ala Ala Cys  
420 425 430

Thr Thr Ala Gly Ala Ala Cys Gly Ala Gly Gly Thr Cys Ala Ala Cys  
435 440 445

Cys Ala Thr Ala Cys Thr Thr Thr Thr Cys Thr Gly Thr Thr Gly Ala  
450 455 460

Gly Cys Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Ala Gly Gly Ala Gly Thr Cys  
465 470 475 480

Ala Thr Ala Ala Gly Gly Ala Thr Ala Thr Cys Thr Thr Cys Thr Ala  
485 490 495

Ala Gly Ala Thr Gly Gly Ala Thr Ala Gly Ala Gly Ala Gly Thr Thr  
500 505 510

Gly Cys Ala Ala Gly Ala Thr Ala Cys Ala Thr Ala Cys Thr Gly Thr  
515 520 525

Gly Thr Ala Ala Thr Thr Ala Thr Thr Cys Ala Ala Gly Cys Cys Ala  
530 535 540

Ala Gly Gly Ala Cys Ala Thr Gly Cys Thr Cys Gly Gly Thr Cys Ala  
545 550 555 560

Gly Cys Cys Thr Gly Gly Ala Gly Cys Cys Thr Thr Gly Thr Cys Thr  
565 570 575

Gly Gly Ala Ala Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Cys Gly Thr Ala Thr  
580 585 590

Cys Ala Ala Thr Thr Ala Ala Gly Cys Thr Gly Thr Cys Ala Gly Ala  
 595 600 605

Thr Ala Thr Thr Ala Ala Thr Gly Ala Cys Ala Ala Cys Ala Ala Gly  
 610 615 620

Cys Cys Ala Ala Thr Ala Thr Thr Cys Ala Ala Ala Gly Ala Ala Ala  
 625 630 635 640

Gly Thr Thr Thr Cys Thr Ala Cys Cys Gly Cys Thr Thr Cys Ala Cys  
 645 650 655

Thr Ala Thr Ala Thr Cys Thr Gly Ala Ala Thr Cys Thr Gly Cys Ala  
 660 665 670

Cys Cys Cys Ala Thr Thr Gly Gly Ala Ala Cys Ala Thr Cys Ala Ala  
 675 680 685

Thr Ala Gly Gly Gly Ala Ala Ala Ala Thr Thr Ala Thr Gly Gly Cys  
 690 695 700

Ala Thr Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Cys Ala Thr Ala  
 705 710 715 720

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Ala Thr Gly Cys Ala Gly Ala Gly Ala  
 725 730 735

Thr Gly Gly Ala Gly Thr Ala Cys Ala Gly Cys Ala Thr Thr Gly Ala  
 740 745 750

Ala Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Thr Thr Cys Ala Ala Ala Ala  
 755 760 765

Ala Thr Ala Thr Thr Thr Gly Ala Cys Ala Thr Ala Ala Thr Cys Ala  
 770 775 780

Thr Thr Gly Ala Cys Ala Ala Thr Gly Ala Cys Ala Cys Cys Cys Ala  
 785 790 795 800

Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Ala Thr Ala Gly Thr Thr Ala Thr Ala  
 805 810 815

Cys Thr Thr Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Ala Ala Gly Thr Thr Gly  
 820 825 830

Ala Thr Thr Thr Thr Gly Ala Gly Cys Ala Gly Cys Ala Gly Ala Gly  
 835 840 845

Cys Thr Ala Thr Thr Ala Thr Gly Gly Cys Ala Thr Thr Ala Gly Ala  
850 855 860

Gly Cys Thr Ala Ala Gly Gly Thr Thr Ala Ala Ala Ala Ala Cys Thr  
865 870 875 880

Gly Cys Cys Ala Thr Gly Thr Gly Gly Ala Thr Gly Ala Ala Gly Ala  
885 890 895

Gly Cys Thr Thr Gly Cys Ala Cys Cys Thr Gly Cys Cys Cys Ala Thr  
900 905 910

Gly Thr Thr Ala Ala Cys Gly Cys Thr Thr Cys Cys Ala Cys Ala Ala  
915 920 925

Cys Cys Thr Ala Cys Ala Thr Thr Ala Ala Ala Gly Thr Thr Cys Ala  
930 935 940

Ala Gly Thr Ala Gly Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ala Ala Gly Ala Thr  
945 950 955 960

Gly Ala Gly Cys Cys Thr Cys Cys Thr Cys Thr Thr Thr Thr Cys Cys  
965 970 975

Thr Cys Cys Thr Thr Cys Cys Ala Thr Ala Thr Thr Ala Thr Gly Thr  
980 985 990

Ala Thr Thr Thr Gly Ala Ala Gly Thr Thr Thr Thr Thr Gly Ala Ala  
995 1000 1005

Gly Ala Ala Ala Cys Cys Cys Cys Ala Cys Ala Gly Gly Gly Ala  
1010 1015 1020

Thr Cys Ala Thr Thr Thr Gly Thr Ala Gly Gly Cys Gly Thr Gly  
1025 1030 1035

Gly Thr Gly Thr Cys Thr Gly Cys Cys Ala Cys Ala Gly Ala Cys  
1040 1045 1050

Cys Cys Ala Gly Ala Cys Ala Ala Thr Ala Gly Gly Ala Ala Ala  
1055 1060 1065

Thr Cys Thr Cys Cys Thr Ala Thr Cys Ala Gly Gly Thr Ala Thr  
1070 1075 1080

Thr Cys Thr Ala Thr Thr Ala Cys Thr Ala Gly Gly Ala Gly Cys  
1085 1090 1095

Ala Ala Ala Gly Thr Gly Thr Thr Cys Ala Ala Thr Ala Thr Cys  
1100 1105 1110

Ala Ala Thr Gly Ala Thr Ala Ala Thr Gly Gly Thr Ala Cys Ala  
1115 1120 1125

Ala Thr Cys Ala Cys Thr Ala Cys Ala Ala Gly Thr Ala Ala Cys  
1130 1135 1140

Thr Cys Ala Cys Thr Gly Gly Ala Thr Cys Gly Thr Gly Ala Ala  
1145 1150 1155

Ala Thr Cys Ala Gly Thr Gly Cys Thr Thr Gly Gly Thr Ala Cys  
1160 1165 1170

Ala Ala Cys Cys Thr Ala Ala Gly Thr Ala Thr Thr Ala Cys Ala  
1175 1180 1185

Gly Cys Cys Ala Cys Ala Gly Ala Ala Ala Ala Ala Thr Ala Cys  
1190 1195 1200

Ala Ala Thr Ala Thr Ala Gly Ala Ala Cys Ala Gly Ala Thr Cys  
1205 1210 1215

Thr Cys Thr Thr Cys Gly Ala Thr Cys Cys Cys Ala Cys Thr Gly  
1220 1225 1230

Thr Ala Thr Gly Thr Gly Cys Ala Ala Gly Thr Thr Cys Thr Thr  
1235 1240 1245

Ala Ala Cys Ala Thr Cys Ala Ala Thr Gly Ala Thr Cys Ala Thr  
1250 1255 1260

Gly Cys Thr Cys Cys Thr Gly Ala Gly Thr Thr Cys Thr Cys Thr  
1265 1270 1275

Cys Ala Ala Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gly Ala Gly Ala Cys Thr  
1280 1285 1290

Thr Ala Thr Gly Thr Thr Thr Gly Thr Gly Ala Ala Ala Ala Thr  
1295 1300 1305

Gly Cys Ala Gly Gly Cys Thr Cys Thr Gly Gly Thr Cys Ala Gly  
1310 1315 1320

Gly Thr Ala Ala Thr Thr Cys Ala Gly Ala Cys Thr Ala Thr Cys  
1325 1330 1335

Ala Gly Thr Gly Cys Ala Gly Thr Gly Gly Ala Thr Ala Gly Ala  
1340 1345 1350

Gly Ala Thr Gly Ala Ala Thr Cys Cys Ala Thr Ala Gly Ala Ala  
1355 1360 1365

Gly Ala Gly Cys Ala Cys Cys Ala Thr Thr Thr Thr Thr Ala Cys  
1370 1375 1380

Thr Thr Thr Ala Ala Thr Cys Thr Ala Thr Cys Thr Gly Thr Ala  
1385 1390 1395

Gly Ala Ala Gly Ala Cys Ala Cys Thr Ala Ala Cys Ala Ala Thr  
1400 1405 1410

Thr Cys Ala Ala Gly Thr Thr Thr Thr Ala Cys Ala Ala Thr Cys  
1415 1420 1425

Ala Thr Ala Gly Ala Thr Ala Ala Thr Cys Ala Ala Gly Ala Thr  
1430 1435 1440

Ala Ala Cys Ala Cys Ala Gly Cys Thr Gly Thr Cys Ala Thr Thr  
1445 1450 1455

Thr Thr Gly Ala Cys Thr Ala Ala Thr Ala Gly Ala Ala Cys Thr  
1460 1465 1470

Gly Gly Thr Thr Thr Thr Ala Ala Cys Cys Thr Thr Cys Ala Ala  
1475 1480 1485

Gly Ala Ala Gly Ala Ala Cys Cys Thr Gly Thr Cys Thr Thr Cys  
1490 1495 1500

Thr Ala Cys Ala Thr Cys Thr Cys Cys Ala Thr Cys Thr Thr Ala  
1505 1510 1515

Ala Thr Thr Gly Cys Cys Gly Ala Cys Ala Ala Thr Gly Gly Ala  
1520 1525 1530

Ala Thr Cys Cys Cys Gly Thr Cys Ala Cys Thr Thr Ala Cys Ala  
1535 1540 1545

Ala Gly Thr Ala Cys Ala Ala Ala Cys Ala Cys Cys Cys Thr Thr  
1550 1555 1560

Ala Cys Cys Ala Thr Cys Cys Ala Thr Gly Thr Cys Thr Gly Thr  
1565 1570 1575



Gly Ala Cys Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gly Ala Cys Ala Gly Thr  
 1580 1585 1590

Gly Gly Gly Ala Gly Cys Ala Cys Ala Cys Ala Gly Ala Cys Cys  
 1595 1600 1605

Thr Gly Cys Cys Ala Gly Thr Ala Cys Cys Ala Gly Gly Ala Gly  
 1610 1615 1620

Cys Thr Thr Gly Thr Gly Cys Thr Thr Thr Cys Cys Ala Thr Gly  
 1625 1630 1635

Gly Gly Ala Thr Thr Cys Ala Ala Gly Ala Cys Ala Gly Ala Ala  
 1640 1645 1650

Gly Thr Cys Ala Thr Cys Ala Thr Thr Gly Cys Thr Ala Thr Thr  
 1655 1660 1665

Cys Thr Cys Ala Thr Thr Thr Gly Cys Ala Thr Thr Ala Thr Gly  
 1670 1675 1680

Ala Thr Cys Ala Thr Ala Thr Thr Thr Gly Gly Gly Thr Thr Thr  
 1685 1690 1695

Ala Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Gly Ala Cys Thr Thr Thr Gly  
 1700 1705 1710

Gly Gly Thr Thr Thr Ala Ala Ala Ala Cys Ala Ala Cys Gly Gly  
 1715 1720 1725

Ala Gly Ala Ala Ala Ala Cys Ala Gly Ala Thr Thr Cys Thr Ala  
 1730 1735 1740

Thr Thr Thr Cys Cys Thr Gly Ala Gly Ala Ala Ala Ala Gly Thr  
 1745 1750 1755

Gly Ala Ala Gly Ala Thr Thr Thr Cys Ala Gly Ala Gly Ala Gly  
 1760 1765 1770

Ala Ala Thr Ala Thr Ala Thr Thr Cys Cys Ala Ala Thr Ala Thr  
 1775 1780 1785

Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Thr  
 1790 1795 1800

Gly Gly Ala Gly Ala Ala Gly Ala Ala Gly Ala Thr Ala Cys Ala  
 1805 1810 1815

Gly Ala Gly Gly Cys Cys Thr Thr Thr Gly Ala Thr Ala Thr Ala  
1820 1825 1830

Gly Cys Ala Gly Ala Gly Cys Thr Gly Ala Gly Gly Ala Gly Thr  
1835 1840 1845

Ala Gly Thr Ala Cys Cys Ala Thr Ala Ala Thr Gly Cys Gly Gly  
1850 1855 1860

Gly Ala Ala Cys Gly Cys Ala Ala Gly Ala Cys Thr Cys Gly Gly  
1865 1870 1875

Ala Ala Ala Ala Cys Cys Ala Cys Ala Ala Gly Cys Gly Cys Thr  
1880 1885 1890

Gly Ala Gly Ala Thr Cys Ala Gly Gly Ala Gly Cys Cys Thr Ala  
1895 1900 1905

Thr Ala Cys Ala Gly Gly Cys Ala Gly Thr Cys Thr Thr Thr Gly  
1910 1915 1920

Cys Ala Ala Gly Thr Thr Gly Gly Cys Cys Cys Cys Gly Ala Cys  
1925 1930 1935

Ala Gly Thr Gly Cys Cys Ala Thr Ala Thr Thr Cys Ala Gly Gly  
1940 1945 1950

Ala Ala Ala Thr Thr Cys Ala Thr Thr Cys Thr Gly Gly Ala Ala  
1955 1960 1965

Ala Ala Gly Cys Thr Cys Gly Ala Ala Gly Ala Ala Gly Cys Thr  
1970 1975 1980

Ala Ala Thr Ala Cys Thr Gly Ala Thr Cys Cys Gly Thr Gly Thr  
1985 1990 1995

Gly Cys Cys Cys Cys Thr Cys Cys Thr Thr Thr Thr Gly Ala Thr  
2000 2005 2010

Thr Cys Cys Cys Thr Cys Cys Ala Gly Ala Cys Cys Thr Ala Cys  
2015 2020 2025

Gly Cys Thr Thr Thr Thr Gly Ala Gly Gly Gly Ala Ala Cys Ala  
2030 2035 2040

Gly Gly Gly Thr Cys Ala Thr Thr Ala Gly Cys Thr Gly Gly Ala  
2045 2050 2055

Thr Cys Cys Cys Thr Gly Ala Gly Cys Thr Cys Cys Thr Thr Ala  
2060 2065 2070

Gly Ala Ala Thr Cys Ala Gly Cys Ala Gly Thr Cys Thr Cys Thr  
2075 2080 2085

Gly Ala Thr Cys Ala Gly Gly Ala Thr Gly Ala Ala Ala Gly Cys  
2090 2095 2100

Thr Ala Thr Gly Ala Thr Thr Ala Cys Cys Thr Thr Ala Ala Thr  
2105 2110 2115

Gly Ala Gly Thr Thr Gly Gly Gly Ala Cys Cys Thr Cys Gly Cys  
2120 2125 2130

Thr Thr Thr Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Thr Ala Gly Cys Ala  
2135 2140 2145

Thr Gly Cys Ala Thr Gly Thr Thr Thr Gly Gly Thr Thr Cys Thr  
2150 2155 2160

Gly Cys Ala Gly Thr Gly Cys Ala Gly Thr Cys Ala Ala Ala Thr  
2165 2170 2175

Ala Ala Thr Thr Ala Gly  
2180

<210> 964

<211> 727

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> C137915 muCDH19 (44-461) huCDH19 (464-772)

<400> 964

Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met Asp Asp Ile  
1 5 10 15

Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn Ser  
20 25 30

Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe Ser Ile Asn  
35 40 45

Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu  
50 55 60

Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr Thr Ile Gly



325

330

335

Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala Thr Asp Pro  
 340 345 350

Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly Ser Lys Met  
 355 360 365

Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Met Leu Asp  
 370 375 380

Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr  
 385 390 395 400

Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val Gln Val Phe  
 405 410 415

Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln Tyr Tyr Glu Thr Tyr  
 420 425 430

Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala  
 435 440 445

Val Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His Phe Tyr Phe Asn Leu  
 450 455 460

Ser Val Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Thr Ile Ile Asp Asn Gln  
 465 470 475 480

Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Gln  
 485 490 495

Glu Glu Pro Val Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile  
 500 505 510

Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Val Cys Asp Cys  
 515 520 525

Gly Asp Ser Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr Gln Glu Leu Val Leu  
 530 535 540

Ser Met Gly Phe Lys Thr Glu Val Ile Ile Ala Ile Leu Ile Cys Ile  
 545 550 555 560

Met Ile Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Thr Leu Gly Leu Lys Gln Arg  
 565 570 575

Arg Lys Gln Ile Leu Phe Pro Glu Lys Ser Glu Asp Phe Arg Glu Asn

580

585

590

Ile Phe Gln Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala  
595 600 605

Phe Asp Ile Ala Glu Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg Glu Arg Lys  
610 615 620

Thr Arg Lys Thr Thr Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser  
625 630 635 640

Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu  
645 650 655

Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser  
660 665 670

Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu  
675 680 685

Ser Ser Leu Glu Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu Ser Tyr Asp Tyr  
690 695 700

Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys Met Phe Gly  
705 710 715 720

Ser Ala Val Gln Ser Asn Asn  
725

<210> 965

<211> 2184

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> C137915 muCDH19 (44-461) huCDH19 (464-772)

<400> 965

gcctgggtgt ggagaccatt tgttgttcta gaagaaatgg atgatataca atgtggttga 60

aagctaagat ctgacttaga caatggaac aactctttcc agtacaagct actggggatt 120

ggcgctggaa gcttttagcat taatgaaaga acaggtgaaa tatgtgccat acagaagctt 180

gatagagagg aaaaatccct ctacattctg agagcccagg taatagacac cactattggg 240

aaggctgtgg aaactgaatc cgagtttgtc atcagagttt tggatatcaa tgacaatgaa 300

cccagattcc tagatgaacc atatgaggcc attgtacctg agatgtctcc agaaggaaca 360

tttgtcatca aggtgacagc caatgacgca gatgatcctt caactggcta tcatgctcgc 420

atcctataca acttagaacg aggtcaacca tacttttctg ttgagccaac aacaggagtc 480

ataaggatat	cttctaagat	ggatagagag	ttgcaagata	catactgtgt	aattattcaa	540
gccaaggaca	tgctcgggtca	gcctggagcc	ttgtctggaa	caacaaccgt	atcaattaag	600
ctgtcagata	ttaatgacaa	caagccaata	ttcaaagaaa	gtttctaccg	cttcactata	660
tctgaatctg	caccattgg	aacatcaata	gggaaaatta	tggcatatga	tgatgacata	720
ggggagaatg	cagagatgga	gtacagcatt	gaagatgatg	attcaaaaat	atttgacata	780
atcattgaca	atgacacca	agaagggata	gttatactta	aaaagaaagt	tgattttgag	840
cagcagagct	attatggcat	tagagctaag	gttaaaaact	gccatgtgga	tgaagagctt	900
gcacctgccc	atgttaacgc	ttccacaacc	tacattaaag	ttcaagtaga	agatgaagat	960
gaacctcctg	ttttcctctt	accatattac	atacttgaaa	ttcctgaagg	aaaaccatat	1020
ggaacaattg	tggggacggg	ttctgccaca	gaccagatc	gaagacaatc	tcctatgaga	1080
tattatctca	ctggaagcaa	aatgtttgat	atcaatgaca	atggaacaat	aatcaccact	1140
aacatgcttg	acagagaggt	cagtgttgg	tacaacttga	ctgtcacagc	tactgaaaca	1200
tacaatgtac	aacagatctc	ttcagcccat	gtttatgtac	aagtctttaa	cattaatgat	1260
catgctcctg	agttctctca	atactatgag	acttatgttt	gtgaaaatgc	aggctctggg	1320
caggtaattc	agactatcag	tgcagtggat	agagatgaat	ccatagaaga	gcaccatttt	1380
tactttaatc	tatctgtaga	agacactaac	aattcaagtt	ttacaatcat	agataatcaa	1440
gataacacag	ctgtcatttt	gactaataga	actggtttta	accttcaaga	agaacctgtc	1500
ttctacatct	ccatcttaat	tgccgacaat	ggaatcccgt	cacttacaag	tacaaacacc	1560
cttaccatcc	atgtctgtga	ctgtggtgac	agtgggagca	cacagacctg	ccagtaccag	1620
gagcttgtgc	tttccatggg	attcaagaca	gaagtcatca	ttgctattct	catttgcatt	1680
atgatcatat	ttgggtttat	ttttttgact	ttgggtttaa	aacaacggag	aaaacagatt	1740
ctatttcctg	agaaaagtga	agatttcaga	gagaatatat	tccaatatga	tgatgaaggg	1800
ggtggagaag	aagatacaga	ggcctttgat	atagcagagc	tgaggagtag	taccataatg	1860
cgggaacgca	agactcggaa	aaccacaagc	gctgagatca	ggagcctata	caggcagtct	1920
ttgcaagttg	gccccgacag	tgccatattc	aggaaattca	ttctggaaaa	gctcgaagaa	1980
gctaatactg	atccgtgtgc	ccctcctttt	gattccctcc	agacctacgc	ttttgagggg	2040
acagggatcat	tagctggatc	cctgagctcc	ttagaatcag	cagtctctga	tcaggatgaa	2100
agctatgatt	accttaatga	gttgggacct	cgctttaaaa	gattagcatg	catgtttggg	2160
tctgcagtgc	agtcaataa	ttag				2184

<210> 966  
 <211> 727  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> C71144 muCDH19 (44-770)

<400> 966

Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met Asp Asp Ile  
1 5 10 15

Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn Ser  
20 25 30

Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe Ser Ile Asn  
35 40 45

Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu  
50 55 60

Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr Thr Ile Gly  
65 70 75 80

Lys Ala Val Glu Thr Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val Leu Asp Ile  
85 90 95

Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val  
100 105 110

Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val Thr Ala Asn  
115 120 125

Asp Ala Asp Asp Pro Ser Thr Gly Tyr His Ala Arg Ile Leu Tyr Asn  
130 135 140

Leu Glu Arg Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr Thr Gly Val  
145 150 155 160

Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Thr Tyr Cys  
165 170 175

Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly Ala Leu Ser  
180 185 190

Gly Thr Thr Thr Val Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn Asp Asn Lys  
195 200 205

Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser Glu Ser Ala  
210 215 220

Pro Ile Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp Asp Asp Ile  
225 230 235 240



Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp Asp Ser Lys  
 245 250 255

Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile  
 260 265 270

Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu Gln Gln Ser Tyr Tyr Gly Ile Arg  
 275 280 285

Ala Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala Pro Ala His  
 290 295 300

Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu Asp Glu Asp  
 305 310 315 320

Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu Ile Pro Glu  
 325 330 335

Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala Thr Asp Pro  
 340 345 350

Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly Ser Lys Met  
 355 360 365

Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Met Leu Asp  
 370 375 380

Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr  
 385 390 395 400

Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val Gln Val Phe  
 405 410 415

Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr Glu Thr Tyr  
 420 425 430

Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile Ile Ser Ala  
 435 440 445

Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr Phe Asn His  
 450 455 460

Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr Asp Asn Gln  
 465 470 475 480

Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Lys  
 485 490 495

Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile  
500 505 510

Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val Cys Asp Cys  
515 520 525

Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly Leu Leu Phe  
530 535 540

Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met Ile Cys Val  
545 550 555 560

Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu Lys Gln Arg  
565 570 575

Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe Arg Glu Asn  
580 585 590

Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Ser Glu Ala  
595 600 605

Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg Glu Arg Lys  
610 615 620

Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser  
625 630 635 640

Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu  
645 650 655

Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser  
660 665 670

Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala Gly Ser Leu  
675 680 685

Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp Phe Asp Tyr  
690 695 700

Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser Met Phe Gly  
705 710 715 720

Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
725

<210> 967  
<211> 2184  
<212> БЕЖОК

<213> искусственная

<220>

<223> C71144 muCDH19 (44-770)

<400> 967

Gly Cys Cys Thr Gly Gly Gly Thr Gly Thr Gly Gly Ala Gly Ala Cys  
1 5 10 15

Cys Ala Thr Thr Thr Gly Thr Thr Gly Thr Thr Cys Thr Ala Gly Ala  
20 25 30

Ala Gly Ala Ala Ala Thr Gly Gly Ala Thr Gly Ala Thr Ala Thr Ala  
35 40 45

Cys Ala Ala Thr Gly Thr Gly Thr Thr Gly Gly Ala Ala Ala Gly Cys  
50 55 60

Thr Ala Ala Gly Ala Thr Cys Thr Gly Ala Cys Thr Thr Ala Gly Ala  
65 70 75 80

Cys Ala Ala Thr Gly Gly Ala Ala Ala Cys Ala Ala Cys Thr Cys Thr  
85 90 95

Thr Thr Cys Cys Ala Gly Thr Ala Cys Ala Ala Gly Cys Thr Ala Cys  
100 105 110

Thr Gly Gly Gly Gly Ala Thr Thr Gly Gly Cys Gly Cys Thr Gly Gly  
115 120 125

Ala Ala Gly Cys Thr Thr Thr Ala Gly Cys Ala Thr Thr Ala Ala Thr  
130 135 140

Gly Ala Ala Ala Gly Ala Ala Cys Ala Gly Gly Thr Gly Ala Ala Ala  
145 150 155 160

Thr Ala Thr Gly Thr Gly Cys Cys Ala Thr Ala Cys Ala Gly Ala Ala  
165 170 175

Gly Cys Thr Thr Gly Ala Thr Ala Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ala Ala  
180 185 190

Ala Ala Ala Thr Cys Cys Cys Thr Cys Thr Ala Cys Ala Thr Thr Cys  
195 200 205

Thr Gly Ala Gly Ala Gly Cys Cys Cys Ala Gly Gly Thr Ala Ala Thr  
210 215 220

Ala Gly Ala Cys Ala Cys Cys Ala Cys Thr Ala Thr Thr Gly Gly Gly



485

490

495

Ala Gly Ala Thr Gly Gly Ala Thr Ala Gly Ala Gly Ala Gly Thr Thr  
500 505 510

Gly Cys Ala Ala Gly Ala Thr Ala Cys Ala Thr Ala Cys Thr Gly Thr  
515 520 525

Gly Thr Ala Ala Thr Thr Ala Thr Thr Cys Ala Ala Gly Cys Cys Ala  
530 535 540

Ala Gly Gly Ala Cys Ala Thr Gly Cys Thr Cys Gly Gly Thr Cys Ala  
545 550 555 560

Gly Cys Cys Thr Gly Gly Ala Gly Cys Cys Thr Thr Gly Thr Cys Thr  
565 570 575

Gly Gly Ala Ala Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Cys Gly Thr Ala Thr  
580 585 590

Cys Ala Ala Thr Thr Ala Ala Gly Cys Thr Gly Thr Cys Ala Gly Ala  
595 600 605

Thr Ala Thr Thr Ala Ala Thr Gly Ala Cys Ala Ala Cys Ala Ala Gly  
610 615 620

Cys Cys Ala Ala Thr Ala Thr Thr Cys Ala Ala Ala Gly Ala Ala Ala  
625 630 635 640

Gly Thr Thr Thr Cys Thr Ala Cys Cys Gly Cys Thr Thr Cys Ala Cys  
645 650 655

Thr Ala Thr Ala Thr Cys Thr Gly Ala Ala Thr Cys Thr Gly Cys Ala  
660 665 670

Cys Cys Cys Ala Thr Thr Gly Gly Ala Ala Cys Ala Thr Cys Ala Ala  
675 680 685

Thr Ala Gly Gly Gly Ala Ala Ala Ala Thr Thr Ala Thr Gly Gly Cys  
690 695 700

Ala Thr Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Cys Ala Thr Ala  
705 710 715 720

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Ala Thr Gly Cys Ala Gly Ala Gly Ala  
725 730 735

Thr Gly Gly Ala Gly Thr Ala Cys Ala Gly Cys Ala Thr Thr Gly Ala

740

745

750

Ala Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Thr Thr Cys Ala Ala Ala Ala  
755 760 765

Ala Thr Ala Thr Thr Thr Gly Ala Cys Ala Thr Ala Ala Thr Cys Ala  
770 775 780

Thr Thr Gly Ala Cys Ala Ala Thr Gly Ala Cys Ala Cys Cys Cys Ala  
785 790 795 800

Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Ala Thr Ala Gly Thr Thr Ala Thr Ala  
805 810 815

Cys Thr Thr Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Ala Ala Gly Thr Thr Gly  
820 825 830

Ala Thr Thr Thr Thr Gly Ala Gly Cys Ala Gly Cys Ala Gly Ala Gly  
835 840 845

Cys Thr Ala Thr Thr Ala Thr Gly Gly Cys Ala Thr Thr Ala Gly Ala  
850 855 860

Gly Cys Thr Ala Ala Gly Gly Thr Thr Ala Ala Ala Ala Cys Thr  
865 870 875 880

Gly Cys Cys Ala Thr Gly Thr Gly Gly Ala Thr Gly Ala Ala Gly Ala  
885 890 895

Gly Cys Thr Thr Gly Cys Ala Cys Cys Thr Gly Cys Cys Cys Ala Thr  
900 905 910

Gly Thr Thr Ala Ala Cys Gly Cys Thr Thr Cys Cys Ala Cys Ala Ala  
915 920 925

Cys Cys Thr Ala Cys Ala Thr Thr Ala Ala Ala Gly Thr Thr Cys Ala  
930 935 940

Ala Gly Thr Ala Gly Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ala Ala Gly Ala Thr  
945 950 955 960

Gly Ala Ala Cys Cys Thr Cys Cys Thr Gly Thr Thr Thr Thr Cys Cys  
965 970 975

Thr Cys Thr Thr Ala Cys Cys Ala Thr Ala Thr Thr Ala Cys Ala Thr  
980 985 990

Ala Cys Thr Thr Gly Ala Ala Ala Thr Thr Cys Cys Thr Gly Ala Ala

995

1000

1005

Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Cys	Cys	Ala	Thr	Ala	Thr	Gly	Gly	Ala
	1010					1015					1020			
Ala	Cys	Ala	Ala	Thr	Thr	Gly	Thr	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Cys	Gly
	1025					1030					1035			
Gly	Thr	Thr	Thr	Cys	Thr	Gly	Cys	Cys	Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Cys
	1040					1045					1050			
Cys	Cys	Ala	Gly	Ala	Thr	Cys	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Cys	Ala	Ala
	1055					1060					1065			
Thr	Cys	Thr	Cys	Cys	Thr	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr
	1070					1075					1080			
Thr	Ala	Thr	Cys	Thr	Cys	Ala	Cys	Thr	Gly	Gly	Ala	Ala	Gly	Cys
	1085					1090					1095			
Ala	Ala	Ala	Ala	Thr	Gly	Thr	Thr	Thr	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr	Cys
	1100					1105					1110			
Ala	Ala	Thr	Gly	Ala	Cys	Ala	Ala	Thr	Gly	Gly	Ala	Ala	Cys	Ala
	1115					1120					1125			
Ala	Thr	Ala	Ala	Thr	Cys	Ala	Cys	Cys	Ala	Cys	Thr	Ala	Ala	Cys
	1130					1135					1140			
Ala	Thr	Gly	Cys	Thr	Thr	Gly	Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Gly	Ala	Gly
	1145					1150					1155			
Gly	Thr	Cys	Ala	Gly	Thr	Gly	Cys	Thr	Thr	Gly	Gly	Thr	Ala	Cys
	1160					1165					1170			
Ala	Ala	Cys	Thr	Thr	Gly	Ala	Cys	Thr	Gly	Thr	Cys	Ala	Cys	Ala
	1175					1180					1185			
Gly	Cys	Thr	Ala	Cys	Thr	Gly	Ala	Ala	Ala	Cys	Ala	Thr	Ala	Cys
	1190					1195					1200			
Ala	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Cys	Ala	Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Thr	Cys
	1205					1210					1215			
Thr	Cys	Thr	Thr	Cys	Ala	Gly	Cys	Cys	Cys	Ala	Thr	Gly	Thr	Thr
	1220					1225					1230			
Thr	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Cys	Ala	Ala	Gly	Thr	Cys	Thr	Thr	Thr

1235						1240						1245			
Ala	Ala	Cys	Ala	Thr	Thr	Ala	Ala	Cys	Gly	Ala	Cys	Ala	Ala	Thr	
1250						1255					1260				
Gly	Cys	Thr	Cys	Cys	Ala	Gly	Ala	Gly	Thr	Thr	Cys	Thr	Cys	Thr	
1265						1270					1275				
Cys	Ala	Ala	Thr	Thr	Cys	Thr	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Ala	Cys	Thr	
1280						1285					1290				
Thr	Ala	Thr	Gly	Thr	Thr	Thr	Gly	Thr	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Thr	
1295						1300					1305				
Gly	Cys	Thr	Gly	Ala	Ala	Thr	Cys	Thr	Gly	Gly	Thr	Gly	Ala	Gly	
1310						1315					1320				
Ala	Thr	Ala	Gly	Thr	Thr	Cys	Ala	Gly	Ala	Thr	Cys	Ala	Thr	Cys	
1325						1330					1335				
Ala	Gly	Thr	Gly	Cys	Ala	Ala	Thr	Thr	Gly	Ala	Thr	Ala	Gly	Ala	
1340						1345					1350				
Gly	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Thr	Cys	Cys	Ala	Thr	Ala	Gly	Ala	Ala	
1355						1360					1365				
Gly	Ala	Thr	Cys	Ala	Cys	Cys	Ala	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Ala	Cys	
1370						1375					1380				
Thr	Thr	Thr	Ala	Ala	Thr	Cys	Ala	Cys	Thr	Cys	Thr	Cys	Thr	Gly	
1385						1390					1395				
Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Cys	Ala	Cys	Ala	Ala	Ala	Cys	Ala	Ala	Cys	
1400						1405					1410				
Thr	Cys	Ala	Ala	Gly	Thr	Thr	Thr	Thr	Ala	Thr	Gly	Cys	Thr	Ala	
1415						1420					1425				
Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Cys	Ala	Ala	Thr	Cys	Ala	Ala	Gly	Ala	Thr	
1430						1435					1440				
Ala	Ala	Cys	Ala	Cys	Ala	Gly	Cys	Thr	Gly	Thr	Ala	Ala	Thr	Thr	
1445						1450					1455				
Cys	Thr	Gly	Ala	Gly	Thr	Ala	Ala	Thr	Ala	Gly	Ala	Ala	Cys	Thr	
1460						1465					1470				
Gly	Gly	Thr	Thr	Thr	Cys	Ala	Ala	Thr	Cys	Thr	Thr	Ala	Ala	Ala	



1475							1480									1485
Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Gly	Cys	Cys	Thr	Gly	Thr	Cys	Thr	Thr	Cys		
1490						1495					1500					
Thr	Ala	Cys	Ala	Thr	Gly	Ala	Thr	Cys	Ala	Thr	Cys	Thr	Thr	Gly		
1505						1510					1515					
Ala	Thr	Thr	Gly	Cys	Thr	Gly	Ala	Thr	Ala	Ala	Cys	Gly	Gly	Gly		
1520						1525					1530					
Ala	Thr	Cys	Cys	Cys	Ala	Thr	Cys	Thr	Cys	Thr	Cys	Ala	Cys	Ala		
1535						1540					1545					
Ala	Gly	Cys	Ala	Cys	Ala	Ala	Ala	Cys	Ala	Cys	Thr	Cys	Thr	Cys		
1550						1555					1560					
Ala	Cys	Thr	Ala	Thr	Cys	Cys	Ala	Ala	Gly	Thr	Cys	Thr	Gly	Thr		
1565						1570					1575					
Gly	Ala	Cys	Thr	Gly	Thr	Gly	Gly	Ala	Gly	Ala	Cys	Ala	Gly	Thr		
1580						1585					1590					
Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Cys	Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Cys	Thr		
1595						1600					1605					
Thr	Gly	Thr	Gly	Cys	Thr	Ala	Ala	Cys	Ala	Ala	Gly	Gly	Gly	Ala		
1610						1615					1620					
Cys	Thr	Thr	Cys	Thr	Cys	Thr	Thr	Thr	Ala	Thr	Cys	Ala	Thr	Gly		
1625						1630					1635					
Gly	Gly	Ala	Thr	Thr	Cys	Ala	Gly	Ala	Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Gly		
1640						1645					1650					
Gly	Cys	Ala	Ala	Thr	Ala	Ala	Thr	Thr	Gly	Cys	Cys	Ala	Thr	Cys		
1655						1660					1665					
Ala	Thr	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr	Gly	Thr	Gly	Thr	Thr	Ala	Thr	Gly		
1670						1675					1680					
Gly	Thr	Ala	Ala	Thr	Ala	Thr	Thr	Thr	Gly	Gly	Gly	Thr	Thr	Thr		
1685						1690					1695					
Thr	Thr	Cys	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Gly	Ala	Thr	Thr	Cys	Thr	Thr		
1700						1705					1710					
Gly	Cys	Thr	Cys	Thr	Gly	Ala	Ala	Ala	Cys	Ala	Gly	Cys	Gly	Ala		

1715						1720						1725			
Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Gly	Gly	Ala	Gly	Ala	Cys	Thr	Cys	Thr	Ala	
1730						1735					1740				
Thr	Thr	Thr	Cys	Cys	Ala	Gly	Ala	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Cys	Thr	
1745						1750					1755				
Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Cys	Thr	Thr	Thr	Ala	Gly	Gly	Gly	Ala	Gly	
1760						1765					1770				
Ala	Ala	Thr	Ala	Thr	Ala	Thr	Thr	Thr	Thr	Gly	Cys	Thr	Ala	Thr	
1775						1780					1785				
Gly	Ala	Thr	Gly	Ala	Thr	Gly	Ala	Ala	Gly	Gly	Cys	Gly	Gly	Cys	
1790						1795					1800				
Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Cys	Thr	Cys	Gly	
1805						1810					1815				
Gly	Ala	Ala	Gly	Cys	Cys	Thr	Thr	Thr	Gly	Ala	Cys	Ala	Thr	Cys	
1820						1825					1830				
Gly	Thr	Ala	Gly	Ala	Gly	Cys	Thr	Gly	Ala	Gly	Ala	Cys	Ala	Ala	
1835						1840					1845				
Ala	Gly	Thr	Ala	Cys	Ala	Gly	Thr	Ala	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Ala	
1850						1855					1860				
Gly	Ala	Ala	Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Gly	Cys	Cys	Thr	Cys	Ala	Gly	
1865						1870					1875				
Ala	Gly	Ala	Ala	Gly	Cys	Ala	Ala	Gly	Ala	Gly	Thr	Gly	Cys	Gly	
1880						1885					1890				
Gly	Ala	Gly	Ala	Thr	Cys	Ala	Gly	Gly	Ala	Gly	Cys	Thr	Thr	Gly	
1895						1900					1905				
Thr	Ala	Cys	Ala	Gly	Gly	Cys	Ala	Gly	Thr	Cys	Cys	Cys	Thr	Gly	
1910						1915					1920				
Cys	Ala	Gly	Gly	Thr	Gly	Gly	Gly	Cys	Cys	Cys	Ala	Gly	Ala	Cys	
1925						1930					1935				
Ala	Gly	Thr	Gly	Cys	Cys	Ala	Thr	Ala	Thr	Thr	Thr	Cys	Gly	Ala	
1940						1945					1950				
Ala	Ala	Ala	Thr	Thr	Thr	Ala	Thr	Cys	Cys	Thr	Ala	Gly	Ala	Gly	

1955						1960						1965					
Ala	Ala	Gly	Cys	Thr	Thr	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Ala	Gly	Cys	Cys			
	1970						1975						1980				
Ala	Ala	Cys	Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Cys	Cys	Cys	Ala	Thr	Gly	Thr			
	1985						1990						1995				
Gly	Cys	Thr	Cys	Cys	Cys	Cys	Cys	Cys	Thr	Thr	Thr	Gly	Ala	Thr			
	2000						2005						2010				
Thr	Cys	Ala	Cys	Thr	Ala	Cys	Ala	Gly	Ala	Cys	Gly	Thr	Thr	Thr			
	2015						2020						2025				
Gly	Cys	Cys	Thr	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	Ala	Ala	Cys	Ala			
	2030						2035						2040				
Gly	Gly	Gly	Thr	Cys	Ala	Thr	Cys	Ala	Gly	Cys	Thr	Gly	Gly	Cys			
	2045						2050						2055				
Thr	Cys	Thr	Cys	Thr	Gly	Ala	Gly	Cys	Thr	Cys	Cys	Thr	Thr	Gly			
	2060						2065						2070				
Gly	Cys	Ala	Thr	Cys	Cys	Ala	Gly	Ala	Gly	Ala	Cys	Ala	Cys	Thr			
	2075						2080						2085				
Gly	Ala	Thr	Cys	Ala	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Ala	Thr	Gly	Ala	Cys			
	2090						2095						2100				
Thr	Thr	Cys	Gly	Ala	Cys	Thr	Ala	Cys	Cys	Thr	Thr	Ala	Ala	Thr			
	2105						2110						2115				
Gly	Ala	Cys	Cys	Thr	Gly	Gly	Gly	Ala	Cys	Cys	Thr	Cys	Gly	Thr			
	2120						2125						2130				
Thr	Thr	Thr	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Ala	Thr	Thr	Ala	Gly	Cys	Ala			
	2135						2140						2145				
Ala	Gly	Cys	Ala	Thr	Gly	Thr	Thr	Thr	Gly	Gly	Cys	Thr	Cys	Thr			
	2150						2155						2160				
Gly	Cys	Ala	Gly	Thr	Ala	Cys	Ala	Ala	Cys	Cys	Cys	Ala	Ala	Cys			
	2165						2170						2175				
Ala	Ala	Thr	Thr	Ala	Gly												
	2180																

<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> Flag Tag

<400> 968

Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys  
1 5

<210> 969  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> Flag Tag

<400> 969  
gactacaaaag acgatgacga caag

24

<210> 970  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 2G6

<400> 970

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 971  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 2G6

<400> 971

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 972  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 2G6

<400> 972

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 973

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 2G6

<400> 973

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys  
1 5 10

<210> 974

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 2G6

<400> 974

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 975

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 2G6

<400> 975

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 976

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 2G6

<400> 976

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60

tcttgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgcaactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtacg acggctcaa caagtactac 180

gccgactccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
 ctgcagatga agtccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
 ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcatggacg tgtggggcca gggcaccacc 360  
 gtgaccgtgt ctagc 375

<210> 977  
 <211> 125  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 2G6

<400> 977

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 115 120 125

<210> 978  
 <211> 315  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 2G6

<400> 978

tacgagctga cccagcccc ctccgtgtcc gtgtctcctg gccagaccgc ctccatcacc 60  
 tgttctggcg accggctggg cgagaagtac acctgttggg atcagcagcg gcctggccag 120

tccccctgc tggatcatcta ccaggacacc aagcggccct ccggcatccc tgagcgggttc 180  
tccgggtcca actccggcaa caccgccacc ctgaccatct ccggcaccca ggccatggac 240  
gaggccgact actactgcca ggcttgggac tcctccaccg tgggtgttcgg cggaggcacc 300  
aagctgaccg tgctg 315

<210> 979  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 2G6

<400> 979

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 980  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 2G6

<400> 980

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtacg acggctcaa caagtactac 180  
gccgactccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa cacctgtac 240

ctgcagatga agtccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
 ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcatggacg tgtggggcca gggcaccacc 360  
 gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcgggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
 tcttacgagc tgaccagacc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 480  
 acctgttctg gcgaccggct gggcgagaag tacacctgtt ggtatcagca gcggcctggc 540  
 cagtcccccc tgctggatcat ctaccaggac accaagcggc cctccggcat cctgagcgg 600  
 ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660  
 gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720  
 accaagctga ccgtgctg 738

<210> 981  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 2G6

<400> 981

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140



Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 982  
<211> 507  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> CDH19 2G6 x I2C

<400> 982

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met



355

360

365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 983

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 16E2.1

<400> 983

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 984

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 16E2.1

<400> 984

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1

5

10

15

Gly

<210> 985  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 16E2.1

<400> 985

Asp Gly Trp Glu Leu Ser Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 986  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 16E2.1

<400> 986

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 987  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 16E2.1

<400> 987

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser  
1 5

<210> 988  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 16E2.1

<400> 988

Gln His Tyr Phe Thr Tyr Pro Arg Thr  
1 5

<210> 989

<211> 354  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 16E2.1

<400> 989  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt catcttctcc agctacggca tgcactgggt cgcacagacc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca tctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcbc cagggacggc 300  
tgggagctgt ccttcgatta ctggggccag ggcaccctgg tcaccgtgtc tagc 354

<210> 990  
<211> 118  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 16E2.1

<400> 990

Gln Val Gln Leu Val 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 Ile Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Asp Gly Trp Glu Leu Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 991

<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 16E2.1

<400> 991  
gacatccaga tgaccsagtc cccctccagc ctgtccgcct ccgtgggcca cagagtgacc 60  
atcacctgtc gggcctccca gggcatcagc aactacctgg cctggctgca gcagaagccc 120  
ggcaaggccc csaagtccct gatctacgcc gccagctccc tgcagtcagg cgtgccctcc 180  
aagttctccg gctctggctc cggcaccgac ttcaccctga ccatctccag cctgcagccc 240  
gaggacttcg ccacctaacta ctgccagcac tactttacct acccccggac ctccggacag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa g 321

<210> 992  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 16E2.1

<400> 992

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 Gly Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30

Leu Ala Trp Leu Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile  
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Lys 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 His Tyr Phe Thr Tyr Pro Arg  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 993  
<211> 720  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 16E2.1

<400> 993

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt catcttctcc agctacggca tgcactgggt ccgacagacc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca tctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcmc cagggacggc 300  
tgggagctgt ccttcgatta ctggggccag ggcaccctgg tcaccgtgtc tagcggaggc 360  
ggaggatctg gtggcgggtg ttctggcggc ggaggctccg acatccagat gaccagctcc 420  
ccctccagcc tgtccgcctc cgtgggcmgac agagtgamca tcacctgtcg ggcctcccag 480  
ggcatcagca actacctggc ctggctgcag cagaagcccg gcaaggcccc caagtcacctg 540  
atctacgccg ccagctccct gcagtcggc gtgccctcca agttctccgg ctctggctcc 600  
ggcaccgact tcacctgac catctccagc ctgcagcccg aggacttcmc cacctactac 660  
tgccagcact acttcaccta cccccggacc ttcggacagg gcaccaaggt ggaaatcaag 720

<210> 994

<211> 240

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 16E2.1

<400> 994

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

100

105

110

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu  
130 135 140

Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln  
145 150 155 160

Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Ala Trp Leu Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala  
165 170 175

Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Ser Lys Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile  
195 200 205

Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His Tyr  
210 215 220

Phe Thr Tyr Pro Arg Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
225 230 235 240

<210> 995  
<211> 501  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> CDH19 16E2.1 x I2C

<400> 995

Gln Val Gln Leu Val 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 Ile Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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



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

Ala Arg Asp Gly Trp Glu Leu Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu  
 130 135 140

Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln  
 145 150 155 160

Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Ala Trp Leu Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala  
 165 170 175

Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro  
 180 185 190

Ser Lys Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile  
 195 200 205

Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His Tyr  
 210 215 220

Phe Thr Tyr Pro Arg Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 225 230 235 240

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly  
 245 250 255

Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly  
 260 265 270

Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly  
 275 280 285

Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr  
 290 295 300

Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg  
 305 310 315 320

Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr  
 325 330 335

Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn  
340 345 350

Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
355 360 365

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro  
385 390 395 400

Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr  
405 410 415

Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro  
420 425 430

Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala  
435 440 445

Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser  
450 455 460

Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr  
465 470 475 480

Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu His  
485 490 495

His His His His His  
500

<210> 996  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 17H8.2

<400> 996

Ser Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 997  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 17H8.2

<400> 997

Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 998

<211> 14

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 17H8.2

<400> 998

Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile  
1 5 10

<210> 999

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 17H8.2

<400> 999

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1000

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 17H8.2

<400> 1000

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1001

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 17H8.2

<400> 1001

Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr  
1 5

<210> 1002  
<211> 366  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 17H8.2

<400> 1002  
cagggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaage cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcaac tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcgggtac atctactaca tcgggtccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccctgtact actgcgccag agactcccgg 300  
tacagatccg ggtggtacga cgccttcgac atctggggcc agggcaccat ggtcaccgtg 360  
tcctct 366

<210> 1003  
<211> 122  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 17H8.2

<400> 1003

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

115

120

<210> 1004  
<211> 324  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 17H8.2

<400> 1004

Gly Ala Thr Ala Thr Cys Gly Thr Gly Cys Thr Gly Ala Cys Cys Cys  
1 5 10 15

Ala Gly Thr Cys Cys Cys Cys Cys Gly Gly Cys Ala Cys Cys Cys Thr  
20 25 30

Gly Thr Cys Thr Cys Thr Gly Ala Gly Cys Cys Cys Thr Gly Gly Cys  
35 40 45

Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Cys Cys Ala Cys Cys Cys Thr Gly Thr  
50 55 60

Cys Cys Thr Gly Cys Ala Gly Ala Gly Cys Cys Thr Cys Thr Cys Ala  
65 70 75 80

Gly Thr Cys Cys Gly Thr Gly Gly Cys Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys  
85 90 95

Thr Ala Cys Cys Thr Gly Gly Cys Thr Thr Gly Gly Thr Ala Thr Cys  
100 105 110

Ala Gly Cys Ala Gly Ala Ala Gly Cys Cys Cys Gly Gly Cys Cys Ala  
115 120 125

Gly Gly Cys Cys Cys Cys Thr Cys Gly Gly Cys Thr Gly Cys Thr Gly  
130 135 140

Ala Thr Cys Thr Cys Cys Gly Gly Cys Gly Cys Cys Thr Cys Thr Thr  
145 150 155 160

Cys Thr Ala Gly Ala Gly Cys Cys Ala Cys Cys Gly Gly Cys Ala Thr  
165 170 175

Cys Cys Cys Thr Gly Ala Cys Cys Gly Gly Thr Thr Cys Thr Cys Cys  
180 185 190

Gly Gly Cys Thr Cys Thr Gly Gly Cys Thr Cys Cys Gly Gly Cys Ala  
195 200 205

Cys Cys Gly Ala Cys Thr Thr Cys Ala Cys Cys Cys Thr Gly Ala Cys  
210 215 220

Cys Ala Thr Cys Ala Gly Cys Cys Gly Gly Cys Thr Gly Gly Ala Ala  
225 230 235 240

Cys Cys Cys Gly Ala Gly Gly Ala Cys Thr Thr Cys Gly Cys Cys Gly  
245 250 255

Thr Gly Thr Ala Cys Thr Ala Thr Thr Gly Cys Cys Ala Gly Cys Ala  
260 265 270

Gly Thr Ala Cys Gly Gly Cys Ala Ala Gly Thr Cys Cys Cys Cys Cys  
275 280 285

Ala Thr Cys Ala Cys Cys Thr Thr Cys Gly Gly Cys Cys Ala Gly Gly  
290 295 300

Gly Ala Ala Cys Cys Cys Gly Gly Cys Thr Gly Gly Ala Ala Ala Thr  
305 310 315 320

Gly Ala Ala Gly

<210> 1005  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 17H8.2

<400> 1005

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys  
 100 105

<210> 1006

<211> 735

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 17H8.2

<400> 1006

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
 acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcaac tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180  
 cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccctgtact actgcgccag agactcccgg 300  
 tacagatccg ggtggtacga cgccttcgac atctggggcc agggcaccat ggtcacctgtg 360  
 tcctctggtg gcggaggctc tggcggaggt ggaagcggag gcggcgggac cgatatcgtg 420  
 ctgaccctgt cccccggcac cctgtctctg agccctggcg agagagccac cctgtcctgc 480  
 agagcctctc agtccgtggc cggctcctac ctggcttggg atcagcagaa gcccggccag 540  
 gccctcggc tgctgatctc cggcgcctct tctagagcca ccggcatccc tgaccggttc 600  
 tccggctctg gctccggcac cgacttcacc ctgaccatca gccggctgga acccgaggac 660  
 ttcgccgtgt actattgcca gcagtacggc aagtccccca tcaccttcgg ccaggggaacc 720  
 cggctggaaa tgaag 735

<210> 1007

<211> 245

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 17H8.2

<400> 1007

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser  
130 135 140

Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys  
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln  
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Ser Gly Ala Ser Ser Arg  
180 185 190

Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp  
195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr  
210 215 220

Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr  
225 230 235 240

Arg Leu Glu Met Lys  
245

<210> 1008  
<211> 506  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 17H8.2 x I2C

<400> 1008

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





260

265

270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1009

<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 19B5.1

<400> 1009

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1010  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 19B5.1

<400> 1010

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1011  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 19B5.1

<400> 1011

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1012  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 19B5.1

<400> 1012

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1013  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 19B5.1

<400> 1013

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1014  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 19B5.1

<400> 1014

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1015  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 19B5.1

<400> 1015  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccagaaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacst ggactattgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtcctct 360

<210> 1016  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 19B5.1

<400> 1016

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Phe Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1017

<211> 330

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 19B5.1

<400> 1017

cagtctgccc tgaccsagcc tccctccacc accggcacac ctggccagcg cgtgaccatc 60

tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta caagcagctg 120

cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tccgaggacg agtccgacta ctactgtgcc acctgggacg actccatgaa cggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg 330

<210> 1018

<211> 110

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 19B5.1

<400> 1018

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu

35

40

45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1019

<211> 735

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 19B5.1

<400> 1019

```

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg      60
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc      120
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac      180
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc      240
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc      300
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtcctct      360
ggtggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatctcagtc tgccttgacc      420
cagcctccct ccaccaccgg cacacctggc cagcgcgtga ccatctcctg ctccggctcc      480
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtaacaagc agctgcccgg caccgcccc      540
aagggtgctga tctacacaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc      600
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtccga ggacgagtcc      660
gactactact gtgccacctg ggacgactcc atgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc      720
aagctgaccg tgctg                                           735

```

<210> 1020

<211> 245

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 19B5.1

<400> 1020

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1021  
<211> 506  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 19B5.1 x I2C

<400> 1021

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys





465

470

475

480

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1022  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 20D3.1

<400> 1022

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1023  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 20D3.1

<400> 1023

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1024  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 20D3.1

<400> 1024

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1025  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 20D3.1

<400> 1025

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1026

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 20D3.1

<400> 1026

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1027

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 20D3.1

<400> 1027

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1028

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 20D3.1

<400> 1028

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60

tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120

ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180

gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240

atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300

atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1029

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 20D3.1

<400> 1029

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1030

<211> 330

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 20D3.1

<400> 1030

cagtctgcc tgaccagcc tccttctgcc accggcacc ctggccagcg cgtgaccatc 60

tcctgctccg gtcctcctc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta caagcagctg 120

cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tccgaggacg agtccgacta ctactgtgcc acctgggacg actccctgaa cggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg 330

<210> 1031

<211> 110

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 20D3.1

<400> 1031

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1032

<211> 735

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 20D3.1

<400> 1032

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctcctgtgc cacctcctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg gccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctgggtg cggtggttct ggcgggcgag gctctcagtc tgccctgacc 420  
cagctcctt ctgccaccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctctctg ctccggctcc 480  
tcctccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtaacaagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aaggtgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcaagtccga ggacgagtc 660  
gactactact gtgccacctg ggacgactcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720

&lt;210&gt; 1033

&lt;211&gt; 245

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; VH-VL CDH19 20D3.1

&lt;400&gt; 1033

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1034

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 20D3.1 x I2C

<400> 1034

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro

165

170

175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
 405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys



420

425

430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1035

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 22D1.1

<400> 1035

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1036

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 22D1.1

<400> 1036

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1037

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 22D1.1

<400> 1037

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1038  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 22D1.1

<400> 1038

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1039  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 22D1.1

<400> 1039

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1040  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 22D1.1

<400> 1040

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1041  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 22D1.1

<400> 1041  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgccccgtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctoctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccggttcc 240

atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca ccttggtcac cgtgtcctct 360

<210> 1042  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 22D1.1

<400> 1042

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1043  
<211> 330  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 22D1.1

<400> 1043

cagtctgccc tgaccsagcc tccttccgct accggcaccc ctggccagcg cgtgaccatc 60

tcctgctccg gtcctcctc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta caagcagctg 120

cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctccaa gtctggcacc tccgctctcc tggccatctc cggcctgcag 240

tccgaggacg agtccgacta ctactgtgcc acctgggacg actccatgaa cggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg 330

<210> 1044  
<211> 110  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 22D1.1

<400> 1044

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1045  
<211> 735  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 22D1.1

<400> 1045

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgcggggtg 60  
tctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccsagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca cctgggtcac cgtgtcctct 360

ggtggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatctcagtc tgccctgacc 420  
 cagcctcctt ccgctaccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctcctg ctccggctcc 480  
 tcctccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtaacaagc agctgcccgg caccgcccc 540  
 aaggtgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
 tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcaagtccga ggacgagtcc 660  
 gactactact gtgccacctg ggacgactcc atgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
 aagctgaccg tgctg 735

<210> 1046  
 <211> 245  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 22D1.1  
  
 <400> 1046

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1047

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 22D1.1 x I2C

<400> 1047

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115

120

125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

370

375

380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1048  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 22G10.1

<400> 1048

Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 1049  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 22G10.1

<400> 1049

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly



<210> 1050  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 22G10.1

<400> 1050

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1051  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 22G10.1

<400> 1051

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1052  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 22G10.1

<400> 1052

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1053  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 22G10.1

<400> 1053

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1054  
<211> 363  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 22G10.1

<400> 1054

gaggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcctccgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgccgac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agc 363

<210> 1055

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 22G10.1

<400> 1055

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

<210> 1056

<211> 321

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 22G10.1

<400> 1056

gagatcgtga tgaccsagtc ccccgtgacc ctgtccctga gcctgggcca gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120  
ggccaggccc ctgggctgct gatctacggc gcctttaccg gggccaccgg catccctgcc 180  
agagtgtctg gctccggctc cggcaccgag ttcacctga ccatcagctc cctgcagtcc 240  
gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggaggc 300  
ggcaccaagg tggaatcaa g 321

<210> 1057

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 22G10.1

<400> 1057

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1058

<211> 729

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 22G10.1

<400> 1058  
gaggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcctccgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgccgac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcccgt actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agcggaggcg gaggatctgg cggtggtggt tctggcggag gcggctccga gatcgtgatg 420  
accagtccc ccgtgaccct gtcctgagc ctgggcgaga gagccaccct gtcttgccgg 480  
gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
cggctgctga tctacggcgc ctttaccgg gccaccggca tcctgccag agtgtctggc 600  
tccggtccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tgcagtccga ggactttgcc 660  
gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaagggtg 720  
gaaatcaag 729

<210> 1059  
<211> 243  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ  
<220>  
<223> VH-VL CDH19 22G10.1

<400> 1059

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

100

105

110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 1060

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 22G10.1 x I2C

<400> 1060

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1061

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 23A10.3

<400> 1061

Arg Tyr Gly Ile His  
1 5

<210> 1062

<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 23A10.3

<400> 1062

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1063  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 23A10.3

<400> 1063

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1064  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 23A10.3

<400> 1064

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Cys  
1 5 10

<210> 1065  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 23A10.3

<400> 1065

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1066  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная



<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 23A10.3

<400> 1066

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1067  
<211> 375  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 23A10.3

<400> 1067

Cys Ala Gly Gly Thr Gly Cys Ala Gly Cys Thr Gly Gly Thr Gly Gly  
1 5 10 15

Ala Ala Thr Cys Cys Gly Gly Cys Gly Gly Ala Gly Gly Cys Gly Thr  
20 25 30

Gly Gly Thr Gly Cys Ala Gly Cys Cys Thr Gly Gly Cys Cys Gly Gly  
35 40 45

Thr Cys Cys Cys Thr Gly Ala Gly Ala Cys Thr Gly Thr Cys Thr Thr  
50 55 60

Gly Cys Gly Cys Cys Gly Cys Cys Thr Cys Cys Gly Gly Cys Thr Thr  
65 70 75 80

Cys Ala Cys Cys Thr Thr Cys Thr Cys Cys Ala Gly Ala Thr Ala Cys  
85 90 95

Gly Gly Cys Ala Thr Cys Cys Ala Cys Thr Gly Gly Gly Thr Cys Cys  
100 105 110

Gly Ala Cys Ala Gly Gly Cys Cys Cys Cys Thr Gly Gly Cys Ala Ala  
115 120 125

Gly Gly Gly Cys Cys Thr Gly Gly Ala Ala Thr Gly Gly Gly Thr Gly  
130 135 140

Gly Cys Cys Gly Thr Gly Ala Thr Thr Thr Gly Gly Thr Ala Cys Gly  
145 150 155 160

Ala Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys Ala Ala Cys Ala Ala Gly Thr Ala  
165 170 175

Cys Thr Ala Cys Gly Cys Cys Gly Ala Cys Thr Cys Cys Gly Thr Gly

180

185

190

Ala Ala Gly Gly Gly Cys Cys Gly Gly Thr Thr Cys Ala Cys Cys Ala  
195 200 205

Thr Cys Thr Cys Cys Cys Gly Gly Gly Ala Cys Ala Ala Cys Thr Cys  
210 215 220

Cys Ala Ala Gly Ala Ala Cys Ala Cys Cys Cys Thr Gly Thr Ala Cys  
225 230 235 240

Cys Thr Gly Cys Thr Gly Ala Thr Gly Ala Ala Cys Thr Cys Cys Cys  
245 250 255

Thr Gly Cys Gly Gly Gly Cys Cys Gly Ala Gly Gly Ala Cys Thr Cys  
260 265 270

Cys Gly Cys Cys Gly Thr Gly Thr Ala Cys Thr Ala Cys Thr Gly Thr  
275 280 285

Gly Cys Cys Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Cys Cys Gly Gly Cys Ala  
290 295 300

Thr Cys Cys Cys Cys Gly Gly Cys Ala Cys Cys Ala Cys Cys Gly Gly  
305 310 315 320

Cys Thr Ala Cys Thr Ala Cys Thr Ala Cys Gly Gly Cys Ala Thr Gly  
325 330 335

Gly Ala Thr Gly Thr Gly Thr Gly Gly Gly Cys Cys Ala Gly Gly  
340 345 350

Gly Cys Ala Cys Cys Ala Cys Cys Gly Thr Gly Ala Cys Cys Gly Thr  
355 360 365

Gly Thr Cys Thr Ala Gly Cys  
370 375

<210> 1068

<211> 125

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 23A10.3

<400> 1068

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1069

<211> 315

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 23A10.3

<400> 1069

tacgagctga cccagcccc ctccgtgtcc gtgtctcctg gccagaccgc ctccatcacc 60

tgttctggcg accggctggg cgagaaatac gtgtgctggt atcagcagaa gcccggccag 120

tccccatcc tggatcatcta ccaggacaac aagtggcct cggcatccc tgagcggttc 180

tccggctcca actccggcaa caccgccacc ctgaccatct ccggcaccga ggccatggac 240

gaggccgact actactgccg ggctggggac tcctccaccg tgggtgttcgg cggagggcacc 300

aagctgaccg tgctg 315

<210> 1070

<211> 106

<212> БЕЛЮК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 23A10.3

<400> 1070

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1071

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 23A10.3

<400> 1071

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agatacggca tccactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
ctgctgatga actccctgcg ggccgaggac tccgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
ggcatccccg gcaccaccgg ctactactac ggcattggatg tgtggggcca gggcaccacc 360  
gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcgggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcttacgagc tgaccagcc ccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 480  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaaa tacgtgtgct ggtatcagca gaagcccggc 540  
cagtccccca tcttggtcat ctaccaggac aacaagtggc cctccggcat ccctgagcgg 600  
ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720  
accaagctga ccgtgctg 738

<210> 1072

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 23A10.3

<400> 1072

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Cys Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1073

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 23A10.3 x I2C

<400> 1073

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Cys Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1074  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 25F8.1

<400> 1074

Ser Tyr Tyr Ile His  
1 5

<210> 1075  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 25F8.1

<400> 1075

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1076  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 25F8.1

<400> 1076

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1077



<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 25F8.1

<400> 1077

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1078  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 25F8.1

<400> 1078

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1079  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 25F8.1

<400> 1079

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1080  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 25F8.1

<400> 1080  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccggcta caccttcacc agctactaca tccactgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct cggcgggctc caccagatac 180  
gccsagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240  
atggaactgt cctccctgsc gagcagggac accgcccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1081

<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 25F8.1

<400> 1081

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1082  
<211> 330  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 25F8.1

<400> 1082

cagtctgccc tgaccsagcc tccttctgcc accggcacc ctggccagcg cgtgaccatc 60  
tcctgctccg gctcctcctc caacatcggc cggaacttcg tgaactggta caagcagctg 120  
cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
tccgaggacg agtccgacta ctactgtgcc gcctgggacg actccctgaa cggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg 330

<210> 1083

<211> 110  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 25F8.1

<400> 1083

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1084  
<211> 735  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 25F8.1

<400> 1084

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccggcta caccttcacc agctactaca tccactgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccctt ccggcggctc caccagatac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cgggtggttct ggcggcggag gctctcagtc tgccctgacc 420  
cagcctcctt ctgccaccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctctctg ctccggctcc 480  
tcctccaaca tcggccgga cttcgtgaac tgggtacaagc agctgcccgg caccgcccc 540

aaggtgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
 tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtccga ggaacgagtc 660  
 gactactact gtgccgctg ggacgactcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
 aagctgaccg tgctg 735

<210> 1085  
 <211> 245  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 25F8.1

<400> 1085

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro  
 165 170 175

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

180

185

190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1086  
<211> 506  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 25F8.1 x I2C

<400> 1086

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn Phe Val Asn Trp Tyr Lys Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ser Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1087  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 25G10.1

<400> 1087

Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1088  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 25G10.1

<400> 1088

Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1089  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 25G10.1

<400> 1089

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro  
1 5 10

<210> 1090

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 25G10.1

<400> 1090

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1091

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 25G10.1

<400> 1091

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1092

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 25G10.1

<400> 1092

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1093

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 25G10.1

<400> 1093

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc ggctactact ggtcctggat ccggcagccc 120

cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180



cccagcctga agtccagagt gaccatgtcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag agatggctcc 300  
 tccggctggg atcgttggtt cgacccttgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1094  
 <211> 120  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VH CDH19 25G10.1

<400> 1094

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 1095  
 <211> 324  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 25G10.1

<400> 1095

gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
 ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcttggtg taagcagaag 120  
 cccggccagg ccctcggct gctgatcttc ggcgcctctt ccagagccac cggcatccct 180

gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatctc ccggctggaa 240  
 cccgaggact tcgctgtgta ccaactgccag cagtacggca acagccccct gaccttcggc 300  
 ggaggcacca aggtggaaat caag 324

<210> 1096  
 <211> 108  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 25G10.1

<400> 1096

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
 85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 1097  
 <211> 729  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 25G10.1

<400> 1097

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
 acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc ggctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180  
 cccagcctga agtccagagt gaccatgtcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag agatggctcc 300

tccggctggt atcgttggtt cgacccttgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggagggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcgggcggag gctccgagat cgtgctgacc 420  
cagtcccctg gcaccctgtc cctgagccct ggcgagagag ccaccctgtc ctgcagagcc 480  
tcccagtcgg tgtcctcctc ctacctggct tggtatcagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
cggctgctga tcttcggcgc ctcttcaga gccaccggca tccctgaccg gttctccggc 600  
tctggctccg gcaccgactt caccctgacc atctcccggc tggaaccoga ggacttoget 660  
gtgtaccact gccagcagta cggcaacagc ccctgacct tcggcggagg caccaaggtg 720  
gaaatcaag 729

<210> 1098  
<211> 243  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VH-VL CDH19 25G10.1  
<400> 1098

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala



Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
145 150 155 160

Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr His Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1100  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 26D1.1

<400> 1100

Ser Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1101  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 26D1.1

<400> 1101

Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1102  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 26D1.1

<400> 1102

Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1103  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 26D1.1

<400> 1103

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1104  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 26D1.1

<400> 1104

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1105  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 26D1.1

<400> 1105

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1106  
<211> 360  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 26D1.1

<400> 1106

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc agctactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccctt ctggcgggcga caccacctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcbc cagaggcggc 300  
atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1107

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 26D1.1

<400> 1107

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

<210> 1108

<211> 330

<212> ДНК



<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 26D1.1

<400> 1108

```
cattccgtgc tgaccsagtc tccttccgcc tccggcaccs ctggccagcg cgtgaccatc      60
tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg      120
cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc      180
gaccggttct ctggctccaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag      240
tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtgggacg actccctgaa cggctgggtg      300
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg      330
```

<210> 1109

<211> 110

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 26D1.1

<400> 1109

```
His Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1           5           10           15
```

```
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn
          20           25           30
```

```
Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
          35           40           45
```

```
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50           55           60
```

```
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65           70           75           80
```

```
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu
          85           90           95
```

```
Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100           105           110
```

<210> 1110

<211> 735

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 26D1.1

<400> 1110  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccccggtta caccttcacc agctactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccct ctggcggcga caccacctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cgggtggttct ggcggcggag gctcccattc cgtgctgacc 420  
cagtctcctt ccgcctccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctcctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccgtgtg ggacgactcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctg 735

<210> 1111  
<211> 245  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ  
<220>  
<223> VH-VL CDH19 26D1.1

<400> 1111  
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30  
Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60  
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln

100

105

110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser His Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1112

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 26D1.1 x I2C

<220>

<221> misc\_feature

<222> (5)..(5)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 1112

Cys Asp His Asp Xaa Ile Cys  
1 5

<210> 1113

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 26F12.1

<400> 1113

Asn Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1114  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 26F12.1

<400> 1114

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1115  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 26F12.1

<400> 1115

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1116  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 26F12.1

<400> 1116

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1117  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 26F12.1

<400> 1117

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1118  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 26F12.1

<400> 1118

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1119  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 26F12.1

<400> 1119

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcgggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1120  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 26F12.1

<400> 1120

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe

50

55

60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1121

<211> 330

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 26F12.1

<400> 1121

cagtctgtgc tgaccagtc cccttccgcc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60

tctgtctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120

cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtgggacg actccctgaa cggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg 330

<210> 1122

<211> 110

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 26F12.1

<400> 1122

Gln Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50

55

60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1123

<211> 735

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 26F12.1

<400> 1123

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60

tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120

ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcgcgca ctccacctac 180

gccagaagt tccagggccg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240

atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300

atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

ggaggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcgcgaggag gctcccagtc tgtgctgacc 420

cagtcccctt ccgcctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctctctg ctccggctcc 480

cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtatcagc agctgcccgg caccgcccc 540

aagctgctga tctacaccaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600

tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggaagaggcc 660

gactactact gtgccgtgtg ggacgactcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720

aagctgaccg tgctg 735

<210> 1124

<211> 245

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 26F12.1

<400> 1124

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1125  
<211> 506  
<212> БЕЖОК



<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 26F12.1 x I2C

<400> 1125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr



485

490

495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1126  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 4A9

<400> 1126

Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1127  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 4A9

<400> 1127

Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1128  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 4A9

<400> 1128

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe  
1 5

<210> 1129  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 4A9

<400> 1129

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Ala Val His  
1 5 10

<210> 1130

<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 4A9

<400> 1130

Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1131  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 4A9

<400> 1131

Gln Ser Tyr Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1132  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 4A9

<400> 1132  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc ggctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gttcgcctac ttctcctact ccggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccctgtcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgcccg gaactggggc 300  
ttccacttcg atttctgggg ccagggcacc ctgggtcaccg tgtctagc 348

<210> 1133  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 4A9

<400> 1133

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr

20

25

30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 1134  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 4A9

<400> 1134  
cagtctgtgc tgaccagcc tccctctgtg tctggcgccc ctggccagag agtgaccatc 60  
tctgcaccg gtcctccag caacatcggc accggctacg cctgactg gtatcagcag 120  
ttccccgca ccgccccaa gctgctgatc tacggcaaca acaaccggcc ctccggcgtg 180  
cccgaccggt tctctggctc caagtctggc acctccgcct ccctggctat caccggcctg 240  
caggctgagg acgaggccga ctactactgc cagtctacg actcccggt gtccggctgg 300  
gtgttcggcg gaggcaccaa gctgaccgtg ctg 333

<210> 1135  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 4A9

<400> 1135

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly

20

25

30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1136

<211> 726

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 4A9

<400> 1136

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc ggctactact ggtcctggat ccggcagccc 120

cctggcaagg gcctggaatg gttcgcctac ttctcctact ccggctccac caactacaac 180

cccagcctga agtccagagt gaccctgtcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240

aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgcccg gaactgggcc 300

ttcacttcg atttctgggg ccagggcacc ctgggtcaccg tgtctagcgg aggcggagga 360

tctgggtggcg gtggttctgg cggcggaggc tcccagtctg tgctgacceca gcctccctct 420

gtgtctggcg ccctggcca gagagtgacc atctcctgca ccggctcctc cagcaacatc 480

ggcaccggct acgccgtgca ctggatatcag cagttccccg gcaccgcccc caagctgctg 540

atctacggca acaacaaccg gccctccggc gtgcccgacc ggttctctgg ctccaagtct 600

ggcacctccg cctccctggc taccaccggc ctgcaggctg aggacgaggc cgactactac 660

tgccagtect acgactcccc gctgtccggc tgggtgttcg gcgaggcac caagctgacc 720

gtgctg 726

<210> 1137

<211> 242

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 4A9

<400> 1137

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu

<210> 1138  
<211> 503  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 4A9 x I2C

<400> 1138

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile



195

200

205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
 210 215 220

Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 225 230 235 240

Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
 260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
 275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
 290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
 305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
 325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
 340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
 355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
 370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
 405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
 420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
 435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr

450

455

460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1139  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 4B10

<400> 1139

Ser Tyr Asp Met His  
1 5

<210> 1140  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 4B10

<400> 1140

Val Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1141  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 4B10

<400> 1141

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1142  
<211> 12  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 4B10

<400> 1142

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1143

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 4B10

<400> 1143

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1144

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 4B10

<400> 1144

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 1145

<211> 357

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 4B10

<400> 1145

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg acggcaccaa cgagtactac 180

gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcbc cagagagcgg 300

tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tgggtgtccgt gtctagc 357

<210> 1146

<211> 119

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 4B10

<400> 1146

Gln Val Gln Leu Val 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

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 1147

<211> 321

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 4B10

<400> 1147

gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtccgtgtcc aacacctacc tggcctggta tcaccagcgc 120  
cctggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctctggcacc gacttcgccc tgaccatctc cagcctggaa 240  
cccgaggatt tcgctgtgta ctattgccag cagtactcca actcctggac cttcggacag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa g 321

<210> 1148

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 4B10

<400> 1148

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ala Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1149

<211> 723

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 4B10

<400> 1149

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60  
tcttgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg acggcaccaa cgagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcbc cagagagcgg 300  
tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tgggtgtccgt gtctagcggg 360  
ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcttg ccgggcctcc 480  
cagtccgtgt ccaacaccta cctggcctgg taccaccagc gccctggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acgggcgctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggtt ctccggctct 600

ggctctggca ccgacttcgc cctgaccatc tccagcctgg aacccgagga tttcgctgtg 660  
 tactattgcc agcagtactc caactcctgg accttcggac agggcaccaa ggtggaaatc 720  
 aag 723

<210> 1150  
 <211> 241  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 4B10  
 <400> 1150

Gln Val Gln Leu Val 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

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Arg Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ala Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys

<210> 1151

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 4B10 x I2C

<400> 1151

Gln Val Gln Leu Val 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

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser





405

410

415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 1152  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 4F3

<400> 1152

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 1153  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 4F3

<400> 1153

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 1154  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 4F3

<400> 1154

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1                   5                   10

<210> 1155  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 4F3

<400> 1155

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1                   5                   10

<210> 1156  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 4F3

<400> 1156

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1                   5

<210> 1157  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 4F3

<400> 1157

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1                   5

<210> 1158  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 4F3

<400> 1158  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggccggtc cctgagactg           60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacagacc           120

cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
 gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa cacccctgttt 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcmc cagagagaca 300  
 ggcgagggtc ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc tggtcacctg gtctagc 357

<210> 1159  
 <211> 119  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 4F3

<400> 1159

Gln Val Gln Leu Val 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 1160  
 <211> 321  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 4F3

<400> 1160

gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60

ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 120

cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ccggctggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa g 321

<210> 1161  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 4F3

<400> 1161

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1162  
<211> 723  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 4F3

<400> 1162

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacagacc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa cacctgtttt 240

ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcmc cagagagaca 300  
ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc tggtcacctgt gtctagcgga 360  
ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
cagtccgtgt cctcctccta cctggcctgg taccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctcggctct 600  
ctgctgatct acgggcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctcggctct 600  
ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agccggctgg aaccgagga cttcgctgtg 660  
tactattgcc agcagtacgg ctctcctgg accttcggcc agggcaccaa ggtggaatc 720  
aag 723

<210> 1163  
<211> 241  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 4F3

<400> 1163

Gln Val Gln Leu Val 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys

<210> 1164

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 4F3 x I2C

<400> 1164

Gln Val Gln Leu Val 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly

100

105

110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

355

360

365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 1165

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 4F7

<400> 1165

Ser Tyr Ser Trp Ser  
1 5

<210> 1166

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 4F7

<400> 1166

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser



1

5

10

15

<210> 1167  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 4F7

<400> 1167

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 1168  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 4F7

<400> 1168

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His  
1 5 10

<210> 1169  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 4F7

<400> 1169

Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1170  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 4F7

<400> 1170

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1171  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 4F7

<400> 1171

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tcctactctt ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc ctggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgcccg gaactggggc 300  
ttccacttcg actactgggg ccagggcacc ctgggtcaccg tgtctagc 348

<210> 1172

<211> 116

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 4F7

<400> 1172

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

<210> 1173

<211> 333

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 4F7

<400> 1173

cagtctgtgc tgaccagcc tccctctgtg tctggcgccc ctggccagcg cgtgaccatt 60  
 tcctgcaccg gtcctccag caacatcggc accggctacg acgtgcactg gtatcagcag 120  
 ctgcccggca ccgccccaa gctgctgatc cacggcaact ccaaccggcc ctccggcgtg 180  
 cccgaccggt tctctggctc caagtctggc acctccgect ccttggtat caccggcctg 240  
 caggctgagg acgaggccga ctactactgc cagtctctacg actcctccct gtccggctgg 300  
 gtgttcggcg gaggcaccag actgaccgtg ctg 333

<210> 1174  
 <211> 111  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 4F7

<400> 1174

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
 20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
 50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
 65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
 85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu  
 100 105 110

<210> 1175  
 <211> 726  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 4F7

<400> 1175

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
 acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tctactctt ggtcctggat ccggcagccc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180  
 cccagcctga agtccagagt gaccatctcc ctggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgcccg gaactggggc 300  
 ttccacttcg actactgggg ccagggcacc ctggtcaccg tgtctagcgg aggcggagga 360  
 tctgggtggc gtggttctgg cggcggaggc tcccagtctg tgctgacca gcctccctct 420  
 gtgtctggcg cccctggcca gcgcgtgacc atttcctgca ccggctcctc cagcaacatc 480  
 ggcaccggct acgacgtgca ctggtatcag cagctgcccg gcaccgcccc caagctgctg 540  
 atccacggca actccaaccg gccctccggc gtgcccgacc ggttctctgg ctccaagtct 600  
 ggcacctccg cctccctggc taccaccggc ctgcaggctg aggacgaggc cgactactac 660  
 tgccagtctc acgactctc cctgtccggc tgggtgttcg gcggaggcac cagactgacc 720  
 gtgctg 726

<210> 1176  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 4F7

<400> 1176

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

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu

<210> 1177

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 4F7 x I2C

<400> 1177

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu



325

330

335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1178

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14039

<400> 1178

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 1179

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 14039

<400> 1179

Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 1180

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 14039

<400> 1180

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1181

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 14039

<400> 1181

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser  
1 5 10

<210> 1182

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 14039

<400> 1182

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1183

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 14039



<400> 1183

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1184

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14039

<400> 1184

cagggtgcagt tgggtggagtc tggggggaggc gtgggtccagc ctgggggggct cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg agggaagtaa taaatactat 180  
gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
gggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcacctgtct ctagt 375

<210> 1185

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14039

<400> 1185

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60  
Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1186  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14039

<400> 1186  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggagggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1187  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14039

<400> 1187

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1188  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14039

<400> 1188  
caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg agggaagtaa taaatactat 180  
gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagtgggtg cggaggatct ggcggagggt gaagcggagg cggcggatct 420  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagataggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 540  
cagtcccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 720  
accaagctga ccgtccta 738

<210> 1189  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14039

<400> 1189

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val

50

55

60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1190

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14039 x I2C

<400> 1190

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1191  
<211> 5  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14304

<400> 1191

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 1192

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 14304

<400> 1192

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 1193

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 14304

<400> 1193

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1194

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 14304

<400> 1194

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser  
1 5 10

<210> 1195

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 14304

<400> 1195

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1196

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 14304

<400> 1196

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1197

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14304

<400> 1197

cagggtgcagt tgggtggagtc tggggggaggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagt 375

<210> 1198

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14304

<400> 1198

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1199

<211> 318

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14304

<400> 1199

tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgttagct ggtatcagca gaagccaggc 120

cagtccccta tactggtcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 300

accaagctga ccgtccta 318

<210> 1200

<211> 106

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14304

<400> 1200

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr

35

40

45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1201

<211> 738

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 14304

<400> 1201

cagggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagtggtag cggaggatct ggcggagggt gaagcggagg cggcggatct 420  
tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgttagct ggtatcagca gaagccagge 540  
cagtccccta tactggatcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat cctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 720  
accaagctga ccgtccta 738

<210> 1202

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 14304

<400> 1202

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

<210> 1203  
<211> 507  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14304 x I2C

<400> 1203

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp



465

470

475

480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1204  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14301

<400> 1204

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 1205  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14301

<400> 1205

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 1206  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14301

<400> 1206

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1207  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14301

<400> 1207

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys  
1 5 10

<210> 1208

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 14301

<400> 1208

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1209

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 14301

<400> 1209

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1210

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14301

<400> 1210

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180

gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300

gggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360

gtcaccgtct ctagt 375

<210> 1211

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14301

<400> 1211

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1212

<211> 318

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 14301

<400> 1212

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatacttgct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1213

<211> 106

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ



<220>

<223> VL CDH19 14301

<400> 1213

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1214

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14301

<400> 1214

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggt 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagtggtag cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg cggcggatct 420  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagataggtt gggggaaaaa tatacttgct ggtatcagca gaggccaggc 540  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 720

accaagctga ccgctcta 738

<210> 1215

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14301

<400> 1215

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

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

195

200

205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1216

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14301 x I2C

<400> 1216

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Cys Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1217

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14079

<400> 1217

Arg Tyr Gly Ile His  
1 5

<210> 1218

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 14079

<400> 1218

Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1219

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 14079

<400> 1219

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1220

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 14079

<400> 1220

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser  
1 5 10

<210> 1221

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 14079

<400> 1221

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1222

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 14079

<400> 1222

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1223

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14079

<400> 1223

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatgggatg agggaagtaa taaatactat 180

gcagagtccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
 ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tgggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
 ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
 gtcaccgtct cctca 375

<210> 1224  
 <211> 125  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 14079

<400> 1224

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
 20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 115 120 125

<210> 1225  
 <211> 318  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 14079

<400> 1225

tcctatgagc tgaactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
 acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatggttagct ggtatcagca gaagccaggc 120

cagtccccta tactgggtcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 180  
 ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
 gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 300  
 accaagctga ccgtccta 318

<210> 1226  
 <211> 106  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 14079

<400> 1226

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
 20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
 35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
 65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
 85 90 95

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

<210> 1227  
 <211> 738  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 14079

<400> 1227

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
 tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120  
 ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg agggaaagtaa taaatactat 180  
 gcagagtccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240



ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tccgctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
 ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
 gtcaccgtct cctcaggtgg cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg cggcggatct 420  
 tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
 acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgttagct ggtatcagca gaagccaggc 540  
 cagtccccta tactggatcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 600  
 ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcggggac ccaggctatg 660  
 gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 720  
 accaagctga ccgtccta 738

<210> 1228  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 14079

<400> 1228

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
 20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1229

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14079 x I2C

<400> 1229

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met



355

360

365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1230

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14077

<400> 1230

Arg Tyr Gly Ile His  
1 5

<210> 1231

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 14077

<400> 1231

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1

5

10

15

Gly

<210> 1232  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14077

<400> 1232

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1233  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14077

<400> 1233

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser  
1 5 10

<210> 1234  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14077

<400> 1234

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1235  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14077

<400> 1235

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1236

<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14077

<400> 1236  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccagget 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct cctca 375

<210> 1237  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14077

<400> 1237

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1238  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14077

<400> 1238  
tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgttagct ggtatcagca gaagccaggc 120  
cagtccccta tactggatcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1239  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14077

<400> 1239

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1240  
<211> 738  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14077

<400> 1240

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggagggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcacctct cctcaggtgg cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg cggcggatct 420  
tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgttagct ggtatcagca gaagccaggc 540  
cagtccccta tactggatcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 720  
accaagctga ccgtccta 738

<210> 1241

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14077

<400> 1241

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30  
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys



85

90

95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
 180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 1242

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14077 x I2C

<400> 1242

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
 20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1243

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14096

<400> 1243

Ser Tyr Tyr Ile His

1

5

<210> 1244  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14096

<400> 1244

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1245  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14096

<400> 1245

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1246  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14096

<400> 1246

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1247  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14096

<400> 1247

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1248

<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14096

<400> 1248

Ala Ala Trp Asp Glu Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1249  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14096

<400> 1249  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg catctggata caccttcacc agctactata ttactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag gacttgagtg gatgggaata atcaacccca gtgggtgtag cacaaaggtag 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgaggggga 300  
atacagctat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360

<210> 1250  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14096

<400> 1250

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1251  
<211> 330  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14096

<400> 1251  
cagctcgcgc tgactcagcc accctcagcg actgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga aggaattttg taaactggta tcagcagctc 120  
ccaggaacgg cccccaagt cctcatttat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gcatgggatg agagcctgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1252  
<211> 110  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14096

<400> 1252

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1253  
<211> 735  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14096

<400> 1253  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg catctggata caccttcacc agctactata ttcactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag gacttgagtg gatgggaata atcaacccca gtggtggtag cacaaggtac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgaggggga 300  
atacagctat ggttacattt tgactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctctctca 360  
ggtggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggagggcggc gatctcagtc tgcgctgact 420  
cagccaccct cagcgactgg gacccccggg cagaggggtca ccatctcttg ttctggaagc 480  
agctccaaca tcggaaggaa ttttgtaaac tggtatcagc agctcccagg aacggcccc 540  
aaagtctca tttataactaa taatcagcgg ccctcagggg tccctgaccg attctctggc 600  
tccaagtctg gcacctcagc ctccctggcc atcagtgggc tccagtctga ggatgaggct 660  
gattattact gtgcagcatg ggatgagagc ctgaatgggt ggggtgttcgg cggagggacc 720  
aagctgaccg tccta 735

<210> 1254  
<211> 245  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14096

<400> 1254

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 1255

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14096 x I2C

<400> 1255



Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr Arg Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Arg Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1256  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14088

<400> 1256

Ser Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1257  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14088

<400> 1257

Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1258  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14088

<400> 1258

Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1259  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14088

<400> 1259

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1260  
<211> 7  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 14088

<400> 1260

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1261

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 14088

<400> 1261

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1262

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14088

<400> 1262

cagggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagggt 60  
tcctgtaagg catctggata caccttcacc agctactata tgtcctgggt gcgacaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atccacccta gtggtggtga cacaacctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300  
ataaaactat ggttacattt tgactattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctctctca 360

<210> 1263

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14088

<400> 1263

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1264

<211> 330

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14088

<400> 1264

cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccggacagag ggtcaccatc 60

tcttgttctg gaagccgctc caacatcgga agtaattttg taaactggta ccagcagctc 120

ccaggaacgg cccccaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180

gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240

tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gtatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1265

<211> 110

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14088

<400> 1265

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1266  
<211> 735  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14088

<400> 1266  
caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgtaagg catctggata caccttcacc agctactata tgtcctgggt gcgacaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atccacccta gtgggtggtga cacaacctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300  
ataaaactat ggttacattt tgactattgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctctctca 360  
ggtggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatctcagtc tgtgctgact 420  
cagccaccct cagcgtctgg gacccccgga cagagggtea ccatctcttg ttctggaage 480  
cgctccaaca tcggaagtaa ttttgtaaac tggtagcagc agctcccagg aacggcccc 540  
aaactcctca tctatactaa taatcagcgg ccctcagggg tccctgaccg attctctggc 600  
tccaagtctg gcacctcagc ctccctggcc atcagtgggc tccagtctga ggatgaggct 660  
gattattact gtgcagtatg ggatgacagc ctgaatgggt ggggtgttcgg cggaggggacc 720  
aagctgaccg tccta 735

<210> 1267  
<211> 245  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14088

<400> 1267

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu

&lt;210&gt; 1268

&lt;211&gt; 506

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; CDH19 14088 x I2C

&lt;400&gt; 1268

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205



Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
 405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
 420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
 435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
 450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1269  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14085

<400> 1269

Ser Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1270  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14085

<400> 1270

Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1271  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14085

<400> 1271

Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1272  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14085

<400> 1272

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1273  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14085

<400> 1273

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1274  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14085

<400> 1274

Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1275  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14085

<400> 1275

cagggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgtaagg catctagata caccttcacc agctactata tgtcctgggt gcgacaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atccacccta gtgggtggtga cacaacctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accggggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300  
ataaaactat ggttacattt tgactattgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360

<210> 1276  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14085

<400> 1276

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1277

<211> 330

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 14085

<400> 1277

cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccggacagag ggtcaccatc 60  
tcttgttctg gaagccgctc caacatcgga agtaattttg taaactggta ccagcagctc 120  
ccaggaacgg cccccaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180  
gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240  
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gtatacgatg acagcctgaa tggttgggtg 300  
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1278

<211> 110

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 14085

<400> 1278

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1279

<211> 735

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14085

<400> 1279

Cys Ala Gly Gly Thr Gly Cys Ala Gly Thr Thr Gly Gly Thr Gly Cys  
1 5 10 15

Ala Gly Thr Cys Thr Gly Gly Gly Gly Cys Thr Gly Ala Gly Gly Thr  
20 25 30

Gly Ala Ala Gly Ala Ala Gly Cys Cys Thr Gly Gly Gly Gly Cys Cys  
35 40 45

Thr Cys Ala Gly Thr Gly Ala Ala Gly Gly Thr Thr Thr Cys Cys Thr  
50 55 60

Gly Thr Ala Ala Gly Gly Cys Ala Thr Cys Thr Ala Gly Ala Thr Ala  
65 70 75 80

Cys Ala Cys Cys Thr Thr Cys Ala Cys Cys Ala Gly Cys Thr Ala Cys

85

90

95

Thr Ala Thr Ala Thr Gly Thr Cys Cys Thr Gly Gly Gly Thr Gly Cys  
 100 105 110

Gly Ala Cys Ala Gly Gly Cys Cys Cys Thr Gly Gly Ala Cys Ala  
 115 120 125

Ala Gly Gly Gly Cys Thr Thr Gly Ala Gly Thr Gly Gly Ala Thr Gly  
 130 135 140

Gly Gly Ala Ala Thr Ala Ala Thr Cys Cys Ala Cys Cys Cys Thr Ala  
 145 150 155 160

Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Ala Cys Ala Cys Ala Ala Cys  
 165 170 175

Cys Thr Ala Cys Gly Cys Ala Cys Ala Gly Ala Ala Gly Thr Thr Cys  
 180 185 190

Cys Ala Gly Gly Gly Cys Ala Gly Ala Gly Thr Cys Ala Cys Cys Ala  
 195 200 205

Thr Gly Ala Cys Cys Gly Gly Gly Gly Ala Cys Ala Cys Gly Thr Cys  
 210 215 220

Cys Ala Cys Gly Ala Gly Cys Ala Cys Ala Gly Thr Cys Thr Ala Cys  
 225 230 235 240

Ala Thr Gly Gly Ala Gly Cys Thr Gly Ala Gly Cys Ala Gly Cys Cys  
 245 250 255

Thr Gly Ala Gly Ala Thr Cys Thr Gly Ala Gly Gly Ala Cys Ala Cys  
 260 265 270

Gly Gly Cys Cys Gly Thr Gly Thr Ala Thr Thr Ala Cys Thr Gly Thr  
 275 280 285

Gly Cys Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Thr Ala Ala  
 290 295 300

Ala Ala Cys Thr Ala Thr Gly Gly Thr Thr Ala Cys Ala Thr Thr Thr  
 305 310 315 320

Thr Gly Ala Cys Thr Ala Thr Thr Gly Gly Gly Gly Cys Cys Ala Gly  
 325 330 335

Gly Gly Ala Ala Cys Cys Cys Thr Gly Gly Thr Cys Ala Cys Cys Gly

340

345

350

Thr Cys Thr Cys Cys Thr Cys Ala Gly Gly Thr Gly Gly Cys Gly Gly  
355 360 365

Ala Gly Gly Ala Thr Cys Thr Gly Gly Cys Gly Gly Ala Gly Gly Thr  
370 375 380

Gly Gly Ala Ala Gly Cys Gly Gly Ala Gly Gly Cys Gly Gly Cys Gly  
385 390 395 400

Gly Ala Thr Cys Thr Cys Ala Gly Thr Cys Thr Gly Thr Gly Cys Thr  
405 410 415

Gly Ala Cys Thr Cys Ala Gly Cys Cys Ala Cys Cys Cys Thr Cys Ala  
420 425 430

Gly Cys Gly Thr Cys Thr Gly Gly Gly Ala Cys Cys Cys Cys Cys Gly  
435 440 445

Gly Ala Cys Ala Gly Ala Gly Gly Gly Thr Cys Ala Cys Cys Ala Thr  
450 455 460

Cys Thr Cys Thr Thr Gly Thr Thr Cys Thr Gly Gly Ala Ala Gly Cys  
465 470 475 480

Cys Gly Cys Thr Cys Cys Ala Ala Cys Ala Thr Cys Gly Gly Ala Ala  
485 490 495

Gly Thr Ala Ala Thr Thr Thr Thr Gly Thr Ala Ala Ala Cys Thr Gly  
500 505 510

Gly Thr Ala Cys Cys Ala Gly Cys Ala Gly Cys Thr Cys Cys Cys Ala  
515 520 525

Gly Gly Ala Ala Cys Gly Gly Cys Cys Cys Cys Cys Ala Ala Ala Cys  
530 535 540

Thr Cys Cys Thr Cys Ala Thr Cys Thr Ala Thr Ala Cys Thr Ala Ala  
545 550 555 560

Thr Ala Ala Thr Cys Ala Gly Cys Gly Gly Cys Cys Cys Thr Cys Ala  
565 570 575

Gly Gly Gly Gly Thr Cys Cys Cys Thr Gly Ala Cys Cys Gly Ala Thr  
580 585 590

Thr Cys Thr Cys Thr Gly Gly Cys Thr Cys Cys Ala Ala Gly Thr Cys

595

600

605

Thr Gly Gly Cys Ala Cys Cys Thr Cys Ala Gly Cys Cys Thr Cys Cys  
610 615 620

Cys Thr Gly Gly Cys Cys Ala Thr Cys Ala Gly Thr Gly Gly Gly Cys  
625 630 635 640

Thr Cys Cys Ala Gly Thr Cys Thr Gly Ala Gly Gly Ala Thr Gly Ala  
645 650 655

Gly Gly Cys Thr Gly Ala Thr Thr Ala Thr Thr Ala Cys Thr Gly Thr  
660 665 670

Gly Cys Ala Gly Thr Ala Thr Ala Cys Gly Ala Thr Gly Ala Cys Ala  
675 680 685

Gly Cys Cys Thr Gly Ala Ala Thr Gly Gly Thr Thr Gly Gly Gly Thr  
690 695 700

Gly Thr Thr Cys Gly Gly Cys Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ala Cys Cys  
705 710 715 720

Ala Ala Gly Cys Thr Gly Ala Cys Cys Gly Thr Cys Cys Thr Ala  
725 730 735

&lt;210&gt; 1280

&lt;211&gt; 245

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; искусственная

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; VH-VL CDH19 14085

&lt;400&gt; 1280

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80



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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1281

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14085 x I2C

<400> 1281

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser

290

295

300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1282

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14074

<400> 1282

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1283  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14074

<400> 1283

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1284  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14074

<400> 1284

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1285  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14074

<400> 1285

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1286  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14074

<400> 1286

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1287  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14074

<400> 1287

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1288  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14074

<400> 1288

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagggt 60  
tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag ggcttgaatg gatgggaatt atcaacccta ttagtgtag cacaaactac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
atacagctat ggttacattt ggactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctctca 360

<210> 1289  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14074

<400> 1289

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe



65

70

75

80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1292

<211> 735

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 14074

<400> 1292

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttcactgggt gcgccaggcc 120

cctggacaag ggcttgaatg gatgggaatt atcaacccta ttagtgtag cacaagctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300

atacagctat ggttacattt ggactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctcctca 360

ggtggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggagggcggcg gatctcagtc tgcgctgact 420

cagccaccct cagtgactgg gacccccggg cagaggggtca ccatctcttg ttctggaagc 480

aggtccaaca tcggaagcaa ttttgtaaac tgggtaccagc agctcccagg aacggcccc 540

aaagtctca tctatactaa taatcagcgg ccctcagggg tccctgaccg attctctggc 600

tccaagtctg gcacctcagc ctccctggcc atcagtgggc tccagtctga ggatgaggct 660

gattattact gcgcaacatg ggatgacagt atgaatggtt ggggtgttcgg cggagggacc 720

aaactgaccg tccta 735

<210> 1293

<211> 245

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 14074

<400> 1293

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1294

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14074 x I2C



<400> 1294

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

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

245

250

255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
 405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
 420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
 435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
 450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
 485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His

500

505

<210> 1295  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14075

<400> 1295

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1296  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14075

<400> 1296

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1297  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14075

<400> 1297

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1298  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14075

<400> 1298

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1299

<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14075

<400> 1299

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1300  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14075

<400> 1300

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1301  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14075

<400> 1301  
caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60  
tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttcactgggt gcgccaggcc 120  
cctggacaag ggcttgaatg gatgggaatt atcaacccta ttagtgttag cacaagctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300  
atacagctat ggttacattt ggactactgg ggccagggaa ccctgggtcac cgtctctctca 360

<210> 1302  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14075

<400> 1302

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20

25

30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1303

<211> 330

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14075

<400> 1303

cagtctgcgc tgactcagcc accctcagtg actgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60

tcttgttctg gaagcaggtc caacatcgga agcaattttg taaactggta ccagcagctc 120

ccaggaacgg cccccaaagt cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtcctt 180

gaccgattct ctggctcaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240

tctgaggatg aggctgatta ttactgcgca acatgggatg agagtatgca gggttgggtg 300

ttcggcggag ggaccsaaact gaccgtccta 330

<210> 1304

<211> 110

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14075

<400> 1304

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn

20

25

30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1305

<211> 735

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14075

<400> 1305

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaagg tttctggata caccttcacc agctacttta ttactgggt gcgccaggcc 120

cctggacaag ggcttgaatg gatgggaatt atcaacccta ttagtgtag cacaaagctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtcttc 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gcgagggggg 300

atacagctat ggttacattt ggactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

ggtggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatctcagtc tgcgctgact 420

cagccaccct cagtgactgg gacccccggg cagaggggtca ccatctcttg ttctggaagc 480

aggtccaaca tcggaagcaa ttttgtaaac tggtagcagc agctcccagg aacggcccc 540

aaagtcctca tctatactaa taatcagcgg ccctcagggg tccctgaccg attctctggc 600

tccaagtctg gcacctcagc ctccctggcc atcagtgggc tccagtctga ggatgaggct 660

gattattact gcgcaacatg ggatgagagt atgcagggtt ggggtgttcgg cggagggacc 720

aaactgaccg tccta 735

<210> 1306

<211> 245

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14075

<400> 1306

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1307

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14075 x I2C

<400> 1307

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser



195

200

205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
 405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
 420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
 435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala

450

455

460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1308  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14024

<400> 1308

Ser Ser Gly Tyr Tyr  
1 5

<210> 1309  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14024

<400> 1309

Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1310  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14024

<400> 1310

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr  
1 5 10

<210> 1311  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14024

<400> 1311

Arg Ala Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1312

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 14024

<400> 1312

Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1313

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 14024

<400> 1313

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr  
1 5

<210> 1314

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14024

<400> 1314

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagtggtt actactggag ctggatccgc 120

cagcccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtagatct attacactgg gagcgcctac 180

tacaaccctg ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300

ggaagcagtg gctggtactt ccagtattgg ggccagggca cctggtcac cgtctctagt 360

<210> 1315

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14024

<400> 1315

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1316

<211> 321

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14024

<400> 1316

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtcg gcagattagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtccatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcattcac tttcggccag 300

gggaccaaaag tggatatcaa a 321

<210> 1317

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14024

<400> 1317

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys  
100 105

<210> 1318

<211> 726

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19

<400> 1318

cagggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagc agtagtggtt actactggag ctggatccgc 120  
cagccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtagatct attacactgg gagegcctac 180  
tacaaccctg ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300  
ggaagcagtg gctggtactt ccagtattgg ggccagggca ccctgggtcac cgtctctagt 360  
ggtagggcgg gatctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatctgaaat tgtgttgacg 420  
cagtctccag gcaccctgtc tttgtctcca ggggaaagag ccaccctctc ctgcagggcc 480  
agtcggcaga ttagcagcag ctacttagcc tggtaccagc agaaacctgg ccaggctccc 540  
aggctcctca tctatggtcc atccagcagg gccactggca tcccagacag gttcagtggc 600  
agtgggtctg ggacagactt cactctcacc atcagcagac tggagcctga agatthttgca 660  
gtgtattact gtcagcagta tggtagctca ttcactttcg gccagggggac caaagtggat 720

&lt;210&gt; 1319

&lt;211&gt; 242

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; VH-VL CDH19

&lt;400&gt; 1319

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
 20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
 50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
 65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
 85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
 130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
 145 150 155 160

Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
 180 185 190

Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205

Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp  
225 230 235 240

Ile Lys

<210> 1320

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14024 x I2C

<400> 1320

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
145 150 155 160

Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
 180 185 190

Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205

Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp  
 225 230 235 240

Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
 260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
 275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
 290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
 305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
 325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
 340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
 355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
 370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
 405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln



420

425

430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1321  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14054

<400> 1321

Ser Tyr Asp Met His  
1 5

<210> 1322  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14054

<400> 1322

Val Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1323  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14054

<400> 1323

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1324  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14054

<400> 1324

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1325  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14054

<400> 1325

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1326  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14054

<400> 1326

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 1327  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14054

<400> 1327  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggagggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatgaca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaactaa tgaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca cttccaagaa cacgctgtat 240

ttgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtat attactgtgc gagagaacga 300  
tattttgact ggtcttttga ctactggggc cagggaaacc tggtcagcgt ctctagt 357

<210> 1328  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14054

<400> 1328

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 1329  
<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14054

<400> 1329

gaaattgtat tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc aacacctact tagcctggta ccagcagaga 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatocca 180

gacagattca gtggcagtggt gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagtctggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtacagta actcgtggac gttcggccaa 300  
gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 1330  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14054

<400> 1330

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1331  
<211> 723  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14054

<400> 1331

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatgaca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaactaa tgaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca cttccaagaa cacgctgtat 240  
ttgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtat attactgtgc gagagaacga 300  
tattttgact ggtcttttga ctactggggc cagggaaacc tgggtcagcgt ctctagtggg 360

ggcggaggat ctggcggagg tggaagcggg ggcggcggat ctgaaattgt attgacgcag 420  
 tctccaggca ccctgtcttt gtctccaggg gaaagagcca ccctctctctg cagggccagt 480  
 cagagtgtta gcaacaccta cttagcctgg taccagcaga gacctggcca ggctcccagg 540  
 ctctcatct atgggtgatc cagcagggcc actggcatcc cagacagatt cagtggcagt 600  
 gggctcggga cagacttcac tctcaccatc agcagtctgg agcctgaaga ttttgcaagt 660  
 tattactgtc agcagtacag taactcgtgg acgttcggcc aagggaccaa ggtggaaatc 720  
 aaa 723

<210> 1332  
 <211> 241  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 14054  
  
 <400> 1332

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
  
 Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
  
 Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125  
  
 Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140  
  
 Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys

<210> 1333

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14054 x I2C

<400> 1333

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
 340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370

375

380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 1334  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14056

<400> 1334

Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1335  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14056

<400> 1335

Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1336



<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14056

<400> 1336

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe  
1 5

<210> 1337  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14056

<400> 1337

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Ala Val His  
1 5 10

<210> 1338  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14056

<400> 1338

Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1339  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14056

<400> 1339

Gln Ser Tyr Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1340  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14056

<400> 1340

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
 ccaggaaagg gactggagtg gtttgcatat ttctcttaca gtgggagcac caactacaac 180  
 ccctccctca agagtcgagt caccttatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactgggccc 300  
 ttccactttg acttctgggg ccagggaaacc ctggtcaccg tctctagt 348

<210> 1341  
 <211> 116  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 14056

<400> 1341

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
 35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110

Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 1342  
 <211> 333  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 14056

<400> 1342

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc caggacagag ggtcaccatc 60  
 tctgcaactg ggagcagctc caacatcggg acaggttatg ctgtacactg gtaccagcag 120  
 cttccaggaa cagcccccaa actcctcatc tatggtaaca acaatcggcc ctcagggggtt 180  
 cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240  
 caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagact gagtggttgg 300  
 gtgttcggcg gagggaccaa gctgaccgtc cta 333

<210> 1343  
 <211> 111  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 14056

<400> 1343

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
 20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
 50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
 65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
 85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 100 105 110

<210> 1344  
 <211> 726  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 14056

<400> 1344

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120

ccaggaaagg gactggagtg gtttgcatat ttctcttaca gtgggagcac caactacaac 180  
 ccctccctca agagtcgagt caccttatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactgggcc 300  
 ttccactttg acttctgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagtgg tggcggagga 360  
 tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga tctcagtctg tgctgacgca gccgcctca 420  
 gtgtctgggg ccccaggaca gagggtcacc atctctgca ctgggagcag ctccaacatc 480  
 gggacaggtt atgctgtaca ctggtaccag cagcttccag gaacagcccc caaactcctc 540  
 atctatggta acaacaatcg gccctcaggg gttcctgacc gattctctgg ctccaagtct 600  
 ggcacctcag cctccctggc catcactggg ctccaggctg aggatgaggc tgattattac 660  
 tgccagtcct atgacagcag actgagtggg tgggtgttcg gcggagggac caagctgacc 720  
 gtccta 726

<210> 1345  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 14056  
  
 <400> 1345

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

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu

<210> 1346

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14056 x I2C

<400> 1346

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Phe  
35 40 45

Ala Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85

90

95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
 130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
 165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
 180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
 195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
 210 215 220

Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 225 230 235 240

Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
 260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
 275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
 290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
 305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
 325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe

340

345

350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1347

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14057

<400> 1347

Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1348

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 14057

<400> 1348

Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1349

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 14057

<400> 1349

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe  
1 5

<210> 1350

<211> 14

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 14057

<400> 1350

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Ala Val His  
1 5 10

<210> 1351

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 14057

<400> 1351

Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1352

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 14057

<400> 1352

Gln Ser Tyr Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1353



<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14057

<400> 1353  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaaagg gactggagtg gattggatat ttctcttaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccttatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactgggcc 300  
ttccactttg acttctgggg ccagggaaacc ctggtcaccg tctctagt 348

<210> 1354  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14057

<400> 1354

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 1355

<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14057

<400> 1355  
cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc caggacagag ggtcaccatc 60  
tcctgcactg ggagcagctc caacatcggg acaggttatg ctgtacactg gtaccagcag 120  
cttcaggaa cagccccc aa actcctcatc tatggtaaca acaatcggcc ctccaggggtt 180  
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240  
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagact gagtgggttg 300  
gtgttcggcg gagggaccaa gctgaccgtc cta 333

<210> 1356  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14057

<400> 1356

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Arg  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1357  
<211> 726  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14057

<400> 1357

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt ggttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaaagg gactggagtg gattggatat ttctcttaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccttatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactgggcc 300  
ttccactttg acttctgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctctagtgg tggcggagga 360  
tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga tctcagtctg tgctgacgca gccgcctca 420  
gtgtctgggg ccccaggaca gagggtcacc atctcctgca ctgggagcag ctccaacatc 480  
gggacaggtt atgctgtaca ctggtaccag cagcttccag gaacagcccc caaactcctc 540  
atctatggtg acaacaatcg gccctcaggg gttcctgacc gattctctgg ctccaagtct 600  
ggcacctcag cctccctggc catcactggg ctccaggctg aggatgaggc tgattattac 660  
tgccagtcct atgacagcag actgagtggg tgggtgttcg gcggagggac caagctgacc 720  
gtccta 726

<210> 1358

<211> 242

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14057

<400> 1358

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

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu

<210> 1359

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14057 x I2C

<400> 1359

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Phe Ser Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50

55

60

Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Arg Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile



<210> 1361  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14049

<400> 1361

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1362  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14049

<400> 1362

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 1363  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14049

<400> 1363

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His  
1 5 10

<210> 1364  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14049

<400> 1364

Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1365  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14049

<400> 1365

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1366

<211> 348

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14049

<400> 1366

cagggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctgggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag gaactgggccc 300  
ttccactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagt 348

<210> 1367

<211> 116

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14049

<400> 1367

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val



100

105

110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 1368  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14049

<400> 1368	
cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc	60
tcttgcactg ggagcagctc caatatcggg acagggttatg atgtacactg gtatcagcag	120
cttccaggaa cagcccccaa actcctcatc tatggtaaca gcaatcggcc ctcaggggctc	180
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc	240
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagtct gagtggttgg	300
gtgttcggcg gagggaccag gttgaccgtc cta	333

<210> 1369  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14049

<400> 1369

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

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

<210> 1370  
 <211> 726  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 14049

<400> 1370  
 cagggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc 120  
 ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180  
 ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactgggcc 300  
 ttccactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagtgg tggcggagga 360  
 tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga tctcagtctg tgctgacgca gccgcctca 420  
 gtgtctgggg cccagggca gagggtcacc atctcctgca ctgggagcag ctccaatata 480  
 gggacagggtt atgatgtaca ctggtatcag cagcttcag gaacagcccc caaactcctc 540  
 atctatggta acagcaatcg gccctcaggg gtccctgacc gattctctgg ctccaagtct 600  
 ggcacctcag cctccctggc catcactggg ctccaggctg aggatgaggc tgattattac 660  
 tgccagtcct atgacagcag tctgagtggg tgggtgttcg gcggagggac cagggtgacc 720  
 gtcccta 726

<210> 1371  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 14049

<400> 1371

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu

<210> 1372

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14049 x I2C

<400> 1372

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20

25

30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala

275

280

285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His  
500

<210> 1373

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14302

<400> 1373

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 1374  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14302

<400> 1374

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 1375  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14302

<400> 1375

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1376  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14302

<400> 1376

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser  
1 5 10

<210> 1377  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14302

<400> 1377

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1378  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14302

<400> 1378

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1379  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302

<400> 1379  
caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagt 375

<210> 1380  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302

<400> 1380

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1381

<211> 318

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14302

<400> 1381

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120

cagtcccctt tgctggtcac ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300

accaagctga ccgtccta 318

<210> 1382

<211> 106

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14302

<400> 1382

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45



Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1383

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14302

<400> 1383

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccaacg 360  
gtcaccgtct ctagtggtag cggaggatct ggcggagggtg gaagcggagg cggcggatct 420  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagatagggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 540  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 720  
accaagctga ccgtccta 738

<210> 1384

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14302

<400> 1384

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly



<211> 507  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14302 x I2C

<400> 1385

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1386  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14303

<400> 1386

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 1387  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14303

<400> 1387

Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 1388  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14303

<400> 1388

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1389  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14303

<400> 1389

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser  
1 5 10

<210> 1390  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14303

<400> 1390

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1391  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14303

<400> 1391

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1392  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14303

<400> 1392

cagggtgcagt tgggtggagtc tgggggagggc gtgggtccagc ctgggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatgggatg agggaagtaa taaatactat 180  
gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
gggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagt 375

<210> 1393  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14303

<400> 1393

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1394

<211> 318

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14303

<400> 1394

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagatagggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120

cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct csaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300

accaagctga ccgtccta 318

<210> 1395

<211> 106

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14303

<400> 1395

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1396

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14303

<400> 1396

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcaactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcattt atatggtatg agggaagtaa taaatactat 180  
gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcacctctc ctagtggtag cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg cggcggatct 420  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagataggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 540  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 720



<210> 1397

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 14303

<400> 1397

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1398

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14303 x I2C

<400> 1398

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln

165

170

175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420

425

430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1399

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 14078

<400> 1399

Arg Tyr Gly Ile His  
1 5

<210> 1400

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 14078

<400> 1400

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1401

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 14078

<400> 1401

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1402  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14078

<400> 1402

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser  
1 5 10

<210> 1403  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14078

<400> 1403

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1404  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> QDNKWPS

<400> 1404

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1405  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14078

<400> 1405  
caggtgcagc tgggtggagtc tgggggagggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatgggatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
 ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
 gtcaccgtct cctca 375

<210> 1406  
 <211> 125  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 14078

<400> 1406

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
 20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 115 120 125

<210> 1407  
 <211> 318  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 14078

<400> 1407

tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
 acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatggttagct ggtatcagca gaagccaggc 120  
 cagtccccta tactgggtcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccttgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1408  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14078

<400> 1408

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1409  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14078

<400> 1409

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggggggc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaataga acagcctgag agccgaggac tcggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300

ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
 gtcaccgtct cctcaggtgg cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg cggcggatct 420  
 tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
 acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgttagct ggtatcagca gaagccaggc 540  
 cagtccccta tactgggtcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 600  
 ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcggggac ccaggctatg 660  
 gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 720  
 accaagctga ccgtccta 738

<210> 1410  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 14078

<400> 1410

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
 20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile





Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
 180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1412  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14080

<400> 1412

Arg Tyr Gly Ile His  
1 5

<210> 1413  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14080

<400> 1413

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1414  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14080

<400> 1414

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1415  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14080

<400> 1415

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Tyr  
1 5 10

<210> 1416  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14080

<400> 1416

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1417  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14080

<400> 1417

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1418  
<211> 375  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14080

<400> 1418

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgctaatga acagcctgag agccgaggac tcggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcacctct cctca 375

<210> 1419

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14080

<400> 1419

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30  
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110  
Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1420

<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14080

<400> 1420  
tcctatgagc tgaactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgtttact ggtatcagca gaagccaggc 120  
cagtccccta tactgggtcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcggggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1421  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14080

<400> 1421

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30  
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110  
Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125  
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu

130

135

140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1422

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14080

<400> 1422

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc	60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt cgctatggca tacactgggt ccgccaggct	120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat	180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat	240
ctgctaatga acagcctgag agccgaggac tcggctgtgt attactgtgc gagaagggcc	300
ggtatacctg gaactacggg ctactactat ggtatggacg tctggggcca agggaccacg	360
gtcaccgtct cctcaggtgg cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg cggcggatct	420
tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc	480
acctgctctg gagatagatt gggggagaaa tatgtttact ggtatcagca gaagccaggc	540
cagtccccta tactggatcat ctatcaagat aataagtggc cctcagggat ccctgagcga	600
ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg	660
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcgggggg	720

<210> 1423  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 14080  
 <400> 1423

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
 20 25 30  
 Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110  
 Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140  
 Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160  
 Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln  
 165 170 175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
 180 185 190  
 Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205



Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1424

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14080 x I2C

<400> 1424

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln

165

170

175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
 180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420

425

430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1425

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 13591

<400> 1425

Ser Tyr Ser Trp Ser  
1 5

<210> 1426

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 13591

<400> 1426

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1427

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 13591

<400> 1427

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 1428  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 13591

<400> 1428

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His  
1 5 10

<210> 1429  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 13591

<400> 1429

Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1430  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 13591

<400> 1430

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1431  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 13591

<400> 1431

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaaggg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt csaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactggggc 300  
ttccactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagt 348

<210> 1432  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH CDH19 13591

<400> 1432

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 1433  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 13591

<400> 1433

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc 60  
tctgcaactg ggagcagctc caatatcggg acaggttatg atgtacactg gtatcagcag 120  
cttcaggaa cagccccc aa actcctcatc catggtaaca gcaatcggcc ctcaggggctc 180  
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240  
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagtct gagtgggttg 300  
gtgttcggcg gagggaccag gttgaccgtc cta 333

<210> 1434  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 13591

<400> 1434

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1435  
<211> 726  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 1591

<400> 1435

cagggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctgggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactggggc 300  
ttcactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagtgg tggcggagga 360  
tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga tctcagctctg tgctgacgca gccgcoccca 420  
gtgtctgggg ccccagggca gagggtcacc atctcctgca ctgggagcag ctccaatata 480

gggacaggtt atgatgtaca ctggtatcag cagcttcag gaacagcccc caaactcctc 540  
 atccatggta acagcaatcg gccctcaggg gtccctgacc gattctctgg ctccaagtct 600  
 ggcacctcag cctccctggc catcactggg ctccaggctg aggatgaggc tgattattac 660  
 tgccagtcct atgacagcag tctgagtggg tgggtgttcg gcggagggac caggttgacc 720  
 gtccta 726

<210> 1436  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 1591  
  
 <400> 1436

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15  
  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
  
 Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
  
 Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60  
  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
  
 Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110  
  
 Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
  
 Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
 130 135 140  
  
 Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160  
  
 Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
 165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu

<210> 1437

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 13591 x I2C

<400> 1437

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala



130

135

140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
 165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
 180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
 195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
 210 215 220

Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr  
 225 230 235 240

Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
 260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
 275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
 290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
 305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
 325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
 340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
 355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
 370 375 380

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

385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1438  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 14299

<400> 1438

Ser Tyr Ser Trp Ser  
1 5

<210> 1439  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 14299

<400> 1439

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1440  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 14299

<400> 1440

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 1441  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 14299

<400> 1441

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His  
1 5 10

<210> 1442  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 14299

<400> 1442

Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1443  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 14299

<400> 1443

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1444  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14299

<400> 1444  
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc 120

ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180  
 ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag gaactgggcc 300  
 ttccactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagt 348

<210> 1445  
 <211> 116  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 14299

<400> 1445

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110

Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 1446  
 <211> 333  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 14299

<400> 1446

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc 60

tctgcaactg ggagcagctc caatatcggg acaggttatg atgtacactg gtatcagcag 120

cttccaggaa cagcccccaa actcctcatc catggtaaca gcaatcggcc ctcaaggggtc 180  
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccttggccat cactgggctc 240  
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagtct gagtgggttg 300  
gtgttcggcg gagggaccag gttgaccgtc cta 333

<210> 1447  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14299

<400> 1447

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu  
100 105 110

<210> 1448  
<211> 726  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14299

<400> 1448

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgactg tctctggtgg ctccatcagt agttactcct ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatatca ttagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240

aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag gaactgggccc 300  
ttccactttg actactgggg ccaggaacc ctggtcaccg tctctagtgg tggcggagga 360  
tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga tctcagtctg tgctgacgca gccgcctca 420  
gtgtctgggg ccccagggca gagggtcacc atctcctgca ctgggagcag ctccaatata 480  
gggacaggtt atgatgtaca ctggtatcag cagcttcag gaacagcccc caaactcctc 540  
atccatggta acagcaatcg gccctcaggg gtccctgacc gattctctgg ctccaagtct 600  
ggcacctcag cctccctggc catcactggg ctccaggctg aggatgaggc tgattattac 660  
tgccagtcct atgacagcag tctgagtggg tgggtgttcg gcggagggac caggttgacc 720  
gtccta 726

<210> 1449  
<211> 242  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14299

<400> 1449

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
210 215 220

Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr  
225 230 235 240

Val Leu

<210> 1450

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14299 x I2C

<400> 1450

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100

105

110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
 130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
 165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile His Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
 180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
 195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
 210 215 220

Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr  
 225 230 235 240

Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
 260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
 275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
 290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
 305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
 325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
 340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu



355

360

365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1451

<211> 784

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> ckCDH19(1-43)::FLAG::ckCDH19(44-776)

<400> 1451

Met Asn Cys Ser Thr Phe Leu Ser Leu Val Leu Ala Leu Val Gln Leu  
1 5 10 15

Gln Leu Cys Ser Pro Thr Thr Gln Ile Phe Ser Ala Gln Lys Thr Asp  
20 25 30

Gln Ser Tyr Thr Thr Ile Arg Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Glu Pro Leu Phe Val Thr Glu Glu Glu  
50 55 60

Thr Ser Thr Met Pro Met Tyr Val Gly Gln Leu Lys Ser Asp Leu Asp  
65 70 75 80

Lys Glu Asp Gly Ser Leu Gln Tyr Ile Leu Thr Gly Glu Gly Ala Asp  
85 90 95

Ser Ile Phe Phe Ile Asn Glu His Gly Lys Ile Tyr Val Arg Gln Lys  
100 105 110

Leu Asp Arg Glu Lys Lys Ser Phe Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
115 120 125

Asn Arg Lys Thr Arg His Pro Ile Glu Pro Asp Ser Glu Phe Ile Ile  
130 135 140

Lys Val Arg Asp Ile Asn Asp His Glu Pro Gln Phe Leu Asp Gly Pro  
145 150 155 160

Tyr Val Ala Thr Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Ser Val Thr  
165 170 175

Gln Val Thr Ala Thr Asp Gly Asp Asp Pro Ser Tyr Gly Asn Asn Ala  
180 185 190

Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Ile Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu  
195 200 205

Pro Lys Thr Gly Val Ile Arg Met Thr Ser Gln Met Asp Arg Glu Thr  
210 215 220

Lys Asp Gln Tyr Leu Val Val Ile Gln Ala Lys Asp Met Val Gly Gln  
225 230 235 240

Ala Gly Ala Phe Ser Ala Thr Ala Thr Val Thr Ile Asn Leu Ser Asp  
245 250 255

Val Asn Asp Asn Pro Pro Lys Phe Gln Gln Arg Leu Tyr Tyr Leu Asn  
260 265 270

Val Ser Glu Glu Ala Pro Val Gly Thr Thr Val Gly Arg Leu Leu Ala  
275 280 285

Glu Asp Ser Asp Ile Gly Glu Asn Ala Ala Met Asn Tyr Phe Ile Glu  
290 295 300

Glu Asp Ser Ser Asp Val Phe Gly Ile Ile Thr Asp Arg Glu Thr Gln  
305 310 315 320

Glu Gly Ile Ile Ile Leu Lys Lys Arg Val Asp Tyr Glu Ser Lys Arg  
325 330 335

Lys His Ser Val Arg Val Lys Ala Val Asn Arg Tyr Ile Asp Asp Arg  
340 345 350

Phe Leu Lys Glu Gly Pro Phe Glu Asp Ile Thr Ile Val Gln Ile Ser  
355 360 365

Val Val Asp Ala Asp Glu Pro Pro Val Phe Thr Leu Glu Ser Tyr Val  
370 375 380

Met Glu Ile Ala Glu Gly Val Val Ser Gly Ser Leu Val Gly Thr Val  
385 390 395 400

Ser Ala Arg Asp Leu Asp Asn Asp Asp Ser Ser Val Arg Tyr Ser Ile  
405 410 415

Val Gln Gly Leu His Leu Lys Arg Leu Phe Ser Ile Asn Glu His Asn  
420 425 430

Gly Thr Ile Ile Thr Thr Glu Pro Leu Asp Arg Glu Lys Ala Ser Trp  
435 440 445

His Asn Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Arg Asn Pro Glu Lys Ile  
450 455 460

Ser Glu Ala Asn Val Tyr Ile Gln Val Leu Asp Val Asn Asp His Ala  
465 470 475 480

Pro Glu Phe Ser Lys Tyr Tyr Glu Thr Phe Val Cys Glu Asn Ala Val  
485 490 495

Pro Gly Gln Leu Ile Gln Asn Ile Ser Ala Val Asp Lys Asp Asp Ser  
500 505 510

Ala Glu Asn His Arg Phe Tyr Phe Ser Leu Ala Gln Ala Thr Asn Ser  
515 520 525

Ser His Phe Thr Val Lys Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Gly Ile Phe  
530 535 540

Thr Ala Gly Ser Gly Phe Ser Arg Lys Glu Gln Phe Tyr Phe Phe Leu  
545 550 555 560

Pro Ile Leu Ile Leu Asp Asn Gly Ser Pro Pro Leu Thr Ser Thr Asn  
565 570 575

Thr Leu Thr Val Thr Val Cys Asp Cys Asp Thr Glu Val Asn Thr Leu  
580 585 590

Tyr Cys Arg Tyr Gly Ala Phe Leu Tyr Ser Ile Gly Leu Ser Thr Glu  
595 600 605

Ala Leu Val Ala Val Leu Ala Cys Leu Leu Ile Leu Leu Val Phe Phe  
610 615 620

Leu Ala Ile Ile Gly Ile Arg Gln Gln Arg Lys Lys Thr Leu Phe Ser  
625 630 635 640

Glu Lys Val Glu Glu Phe Arg Glu Asn Ile Val Arg Tyr Asp Asp Glu  
645 650 655

Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Ser Ala Leu Arg  
660 665 670

Thr Arg Ala Val Leu Arg Thr His Lys Pro Arg Lys Lys Ile Thr Thr  
675 680 685

Glu Ile His Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser  
690 695 700

Ala Ile Phe Arg Gln Phe Ile Ser Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr  
705 710 715 720

Asp Pro Ser Val Pro Pro Tyr Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu  
725 730 735

Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Asn Thr  
740 745 750

Ser Asp Val Asp Gln Asn Tyr Glu Tyr Leu Val Gly Trp Gly Pro Pro  
755 760 765

Phe Lys Gln Leu Ala Gly Met Tyr Thr Ser Gln Arg Ser Thr Arg Asp  
770 775 780

<210> 1452

<211> 784

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> huCDH19(1-43)::FLAG::hu(44-141)::ckCDH19(142-776)

<400> 1452

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Arg Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu



260

265

270

Val Ser Glu Glu Ala Pro Val Gly Thr Thr Val Gly Arg Leu Leu Ala  
 275 280 285

Glu Asp Ser Asp Ile Gly Glu Asn Ala Ala Met Asn Tyr Phe Ile Glu  
 290 295 300

Glu Asp Ser Ser Asp Val Phe Gly Ile Ile Thr Asp Arg Glu Thr Gln  
 305 310 315 320

Glu Gly Ile Ile Ile Leu Lys Lys Arg Val Asp Tyr Glu Ser Lys Arg  
 325 330 335

Lys His Ser Val Arg Val Lys Ala Val Asn Arg Tyr Ile Asp Asp Arg  
 340 345 350

Phe Leu Lys Glu Gly Pro Phe Glu Asp Ile Thr Ile Val Gln Ile Ser  
 355 360 365

Val Val Asp Ala Asp Glu Pro Pro Val Phe Thr Leu Glu Ser Tyr Val  
 370 375 380

Met Glu Ile Ala Glu Gly Val Val Ser Gly Ser Leu Val Gly Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Ala Arg Asp Leu Asp Asn Asp Asp Ser Ser Val Arg Tyr Ser Ile  
 405 410 415

Val Gln Gly Leu His Leu Lys Arg Leu Phe Ser Ile Asn Glu His Asn  
 420 425 430

Gly Thr Ile Ile Thr Thr Glu Pro Leu Asp Arg Glu Lys Ala Ser Trp  
 435 440 445

His Asn Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Arg Asn Pro Glu Lys Ile  
 450 455 460

Ser Glu Ala Asn Val Tyr Ile Gln Val Leu Asp Val Asn Asp His Ala  
 465 470 475 480

Pro Glu Phe Ser Lys Tyr Tyr Glu Thr Phe Val Cys Glu Asn Ala Val  
 485 490 495

Pro Gly Gln Leu Ile Gln Asn Ile Ser Ala Val Asp Lys Asp Asp Ser  
 500 505 510

Ala Glu Asn His Arg Phe Tyr Phe Ser Leu Ala Gln Ala Thr Asn Ser

515

520

525

Ser His Phe Thr Val Lys Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Gly Ile Phe  
 530 535 540

Thr Ala Gly Ser Gly Phe Ser Arg Lys Glu Gln Phe Tyr Phe Phe Leu  
 545 550 555 560

Pro Ile Leu Ile Leu Asp Asn Gly Ser Pro Pro Leu Thr Ser Thr Asn  
 565 570 575

Thr Leu Thr Val Thr Val Cys Asp Cys Asp Thr Glu Val Asn Thr Leu  
 580 585 590

Tyr Cys Arg Tyr Gly Ala Phe Leu Tyr Ser Ile Gly Leu Ser Thr Glu  
 595 600 605

Ala Leu Val Ala Val Leu Ala Cys Leu Leu Ile Leu Leu Val Phe Phe  
 610 615 620

Leu Ala Ile Ile Gly Ile Arg Gln Gln Arg Lys Lys Thr Leu Phe Ser  
 625 630 635 640

Glu Lys Val Glu Glu Phe Arg Glu Asn Ile Val Arg Tyr Asp Asp Glu  
 645 650 655

Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Ser Ala Leu Arg  
 660 665 670

Thr Arg Ala Val Leu Arg Thr His Lys Pro Arg Lys Lys Ile Thr Thr  
 675 680 685

Glu Ile His Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser  
 690 695 700

Ala Ile Phe Arg Gln Phe Ile Ser Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr  
 705 710 715 720

Asp Pro Ser Val Pro Pro Tyr Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu  
 725 730 735

Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Asn Thr  
 740 745 750

Ser Asp Val Asp Gln Asn Tyr Glu Tyr Leu Val Gly Trp Gly Pro Pro  
 755 760 765

Phe Lys Gln Leu Ala Gly Met Tyr Thr Ser Gln Arg Ser Thr Arg Asp

770

775

780

&lt;210&gt; 1453

&lt;211&gt; 784

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; ckCDH19(1-43)::FLAG::ckCDH19(44-141)::huCDH19(142-249)::ckCDH19(250-776)

&lt;400&gt; 1453

Met Asn Cys Ser Thr Phe Leu Ser Leu Val Leu Ala Leu Val Gln Leu  
1 5 10 15Gln Leu Cys Ser Pro Thr Thr Gln Ile Phe Ser Ala Gln Lys Thr Asp  
20 25 30Gln Ser Tyr Thr Thr Ile Arg Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Glu Pro Leu Phe Val Thr Glu Glu Glu  
50 55 60Thr Ser Thr Met Pro Met Tyr Val Gly Gln Leu Lys Ser Asp Leu Asp  
65 70 75 80Lys Glu Asp Gly Ser Leu Gln Tyr Ile Leu Thr Gly Glu Gly Ala Asp  
85 90 95Ser Ile Phe Phe Ile Asn Glu His Gly Lys Ile Tyr Val Arg Gln Lys  
100 105 110Leu Asp Arg Glu Lys Lys Ser Phe Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
115 120 125Asn Arg Lys Thr Arg His Pro Ile Glu Pro Asp Ser Glu Phe Ile Ile  
130 135 140Lys Val Arg Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro  
145 150 155 160Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile  
165 170 175Gln Val Thr Ala Ser Asp Ala Asp Asp Pro Ser Ser Gly Asn Asn Ala  
180 185 190Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu  
195 200 205



Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu  
 210 215 220

Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Gln  
 225 230 235 240

Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp  
 245 250 255

Val Asn Asp Asn Pro Pro Lys Phe Gln Gln Arg Leu Tyr Tyr Leu Asn  
 260 265 270

Val Ser Glu Glu Ala Pro Val Gly Thr Thr Val Gly Arg Leu Leu Ala  
 275 280 285

Glu Asp Ser Asp Ile Gly Glu Asn Ala Ala Met Asn Tyr Phe Ile Glu  
 290 295 300

Glu Asp Ser Ser Asp Val Phe Gly Ile Ile Thr Asp Arg Glu Thr Gln  
 305 310 315 320

Glu Gly Ile Ile Ile Leu Lys Lys Arg Val Asp Tyr Glu Ser Lys Arg  
 325 330 335

Lys His Ser Val Arg Val Lys Ala Val Asn Arg Tyr Ile Asp Asp Arg  
 340 345 350

Phe Leu Lys Glu Gly Pro Phe Glu Asp Ile Thr Ile Val Gln Ile Ser  
 355 360 365

Val Val Asp Ala Asp Glu Pro Pro Val Phe Thr Leu Glu Ser Tyr Val  
 370 375 380

Met Glu Ile Ala Glu Gly Val Val Ser Gly Ser Leu Val Gly Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Ala Arg Asp Leu Asp Asn Asp Asp Ser Ser Val Arg Tyr Ser Ile  
 405 410 415

Val Gln Gly Leu His Leu Lys Arg Leu Phe Ser Ile Asn Glu His Asn  
 420 425 430

Gly Thr Ile Ile Thr Thr Glu Pro Leu Asp Arg Glu Lys Ala Ser Trp  
 435 440 445

His Asn Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Arg Asn Pro Glu Lys Ile  
 450 455 460

Ser Glu Ala Asn Val Tyr Ile Gln Val Leu Asp Val Asn Asp His Ala  
465 470 475 480

Pro Glu Phe Ser Lys Tyr Tyr Glu Thr Phe Val Cys Glu Asn Ala Val  
485 490 495

Pro Gly Gln Leu Ile Gln Asn Ile Ser Ala Val Asp Lys Asp Asp Ser  
500 505 510 515

Ala Glu Asn His Arg Phe Tyr Phe Ser Leu Ala Gln Ala Thr Asn Ser  
515 520 525

Ser His Phe Thr Val Lys Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Gly Ile Phe  
530 535 540

Thr Ala Gly Ser Gly Phe Ser Arg Lys Glu Gln Phe Tyr Phe Phe Leu  
545 550 555 560

Pro Ile Leu Ile Leu Asp Asn Gly Ser Pro Pro Leu Thr Ser Thr Asn  
565 570 575

Thr Leu Thr Val Thr Val Cys Asp Cys Asp Thr Glu Val Asn Thr Leu  
580 585 590

Tyr Cys Arg Tyr Gly Ala Phe Leu Tyr Ser Ile Gly Leu Ser Thr Glu  
595 600 605

Ala Leu Val Ala Val Leu Ala Cys Leu Leu Ile Leu Leu Val Phe Phe  
610 615 620

Leu Ala Ile Ile Gly Ile Arg Gln Gln Arg Lys Lys Thr Leu Phe Ser  
625 630 635 640

Glu Lys Val Glu Glu Phe Arg Glu Asn Ile Val Arg Tyr Asp Asp Glu  
645 650 655

Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Ser Ala Leu Arg  
660 665 670

Thr Arg Ala Val Leu Arg Thr His Lys Pro Arg Lys Lys Ile Thr Thr  
675 680 685

Glu Ile His Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser  
690 695 700

Ala Ile Phe Arg Gln Phe Ile Ser Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr  
705 710 715 720

Asp Pro Ser Val Pro Pro Tyr Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu  
725 730 735

Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Asn Thr  
740 745 750

Ser Asp Val Asp Gln Asn Tyr Glu Tyr Leu Val Gly Trp Gly Pro Pro  
755 760 765

Phe Lys Gln Leu Ala Gly Met Tyr Thr Ser Gln Arg Ser Thr Arg Asp  
770 775 780

<210> 1454

<211> 784

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> ckCDH19(1-43)::FLAG::ckCDH19(44-249)::huCDH19(250-364)::ckCDH19(365-776)

<400> 1454

Met Asn Cys Ser Thr Phe Leu Ser Leu Val Leu Ala Leu Val Gln Leu  
1 5 10 15

Gln Leu Cys Ser Pro Thr Thr Gln Ile Phe Ser Ala Gln Lys Thr Asp  
20 25 30

Gln Ser Tyr Thr Thr Ile Arg Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Glu Pro Leu Phe Val Thr Glu Glu Glu  
50 55 60

Thr Ser Thr Met Pro Met Tyr Val Gly Gln Leu Lys Ser Asp Leu Asp  
65 70 75 80

Lys Glu Asp Gly Ser Leu Gln Tyr Ile Leu Thr Gly Glu Gly Ala Asp  
85 90 95

Ser Ile Phe Phe Ile Asn Glu His Gly Lys Ile Tyr Val Arg Gln Lys  
100 105 110

Leu Asp Arg Glu Lys Lys Ser Phe Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
115 120 125

Asn Arg Lys Thr Arg His Pro Ile Glu Pro Asp Ser Glu Phe Ile Ile  
130 135 140

Lys Val Arg Asp Ile Asn Asp His Glu Pro Gln Phe Leu Asp Gly Pro  
 145 150 155 160

Tyr Val Ala Thr Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Ser Val Thr  
 165 170 175

Gln Val Thr Ala Thr Asp Gly Asp Asp Pro Ser Tyr Gly Asn Asn Ala  
 180 185 190

Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Ile Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu  
 195 200 205

Pro Lys Thr Gly Val Ile Arg Met Thr Ser Gln Met Asp Arg Glu Thr  
 210 215 220

Lys Asp Gln Tyr Leu Val Val Ile Gln Ala Lys Asp Met Val Gly Gln  
 225 230 235 240

Ala Gly Ala Phe Ser Ala Thr Ala Thr Val Thr Ile Asn Leu Ser Asp  
 245 250 255

Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Thr  
 260 265 270

Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Thr Ile Met Ala  
 275 280 285

Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu  
 290 295 300

Glu Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn His Glu Thr Gln  
 305 310 315 320

Glu Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn  
 325 330 335

His Tyr Gly Ile Arg Ala Lys Val Lys Asn His His Val Pro Glu Gln  
 340 345 350

Leu Met Lys Tyr His Thr Glu Ala Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln  
 355 360 365

Val Glu Asp Val Asp Glu Pro Pro Val Phe Thr Leu Glu Ser Tyr Val  
 370 375 380

Met Glu Ile Ala Glu Gly Val Val Ser Gly Ser Leu Val Gly Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Ala Arg Asp Leu Asp Asn Asp Asp Ser Ser Val Arg Tyr Ser Ile  
405 410 415

Val Gln Gly Leu His Leu Lys Arg Leu Phe Ser Ile Asn Glu His Asn  
420 425 430

Gly Thr Ile Ile Thr Thr Glu Pro Leu Asp Arg Glu Lys Ala Ser Trp  
435 440 445

His Asn Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Arg Asn Pro Glu Lys Ile  
450 455 460

Ser Glu Ala Asn Val Tyr Ile Gln Val Leu Asp Val Asn Asp His Ala  
465 470 475 480

Pro Glu Phe Ser Lys Tyr Tyr Glu Thr Phe Val Cys Glu Asn Ala Val  
485 490 495

Pro Gly Gln Leu Ile Gln Asn Ile Ser Ala Val Asp Lys Asp Asp Ser  
500 505 510

Ala Glu Asn His Arg Phe Tyr Phe Ser Leu Ala Gln Ala Thr Asn Ser  
515 520 525

Ser His Phe Thr Val Lys Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Gly Ile Phe  
530 535 540

Thr Ala Gly Ser Gly Phe Ser Arg Lys Glu Gln Phe Tyr Phe Phe Leu  
545 550 555 560

Pro Ile Leu Ile Leu Asp Asn Gly Ser Pro Pro Leu Thr Ser Thr Asn  
565 570 575

Thr Leu Thr Val Thr Val Cys Asp Cys Asp Thr Glu Val Asn Thr Leu  
580 585 590

Tyr Cys Arg Tyr Gly Ala Phe Leu Tyr Ser Ile Gly Leu Ser Thr Glu  
595 600 605

Ala Leu Val Ala Val Leu Ala Cys Leu Leu Ile Leu Leu Val Phe Phe  
610 615 620

Leu Ala Ile Ile Gly Ile Arg Gln Gln Arg Lys Lys Thr Leu Phe Ser  
625 630 635 640

Glu Lys Val Glu Glu Phe Arg Glu Asn Ile Val Arg Tyr Asp Asp Glu  
645 650 655

Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Ser Ala Leu Arg  
660 665 670

Thr Arg Ala Val Leu Arg Thr His Lys Pro Arg Lys Lys Ile Thr Thr  
675 680 685

Glu Ile His Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser  
690 695 700

Ala Ile Phe Arg Gln Phe Ile Ser Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr  
705 710 715 720

Asp Pro Ser Val Pro Pro Tyr Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu  
725 730 735

Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Asn Thr  
740 745 750

Ser Asp Val Asp Gln Asn Tyr Glu Tyr Leu Val Gly Trp Gly Pro Pro  
755 760 765

Phe Lys Gln Leu Ala Gly Met Tyr Thr Ser Gln Arg Ser Thr Arg Asp  
770 775 780

<210> 1455

<211> 779

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> ckCDH19(1-43)::FLAG::ckCDH19(44-364)::huCDH19(365-463)::ckCDH19(4  
69-776)

<400> 1455

Met Asn Cys Ser Thr Phe Leu Ser Leu Val Leu Ala Leu Val Gln Leu  
1 5 10 15

Gln Leu Cys Ser Pro Thr Thr Gln Ile Phe Ser Ala Gln Lys Thr Asp  
20 25 30

Gln Ser Tyr Thr Thr Ile Arg Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Glu Pro Leu Phe Val Thr Glu Glu Glu  
50 55 60

Thr Ser Thr Met Pro Met Tyr Val Gly Gln Leu Lys Ser Asp Leu Asp  
65 70 75 80

Lys Glu Asp Gly Ser Leu Gln Tyr Ile Leu Thr Gly Glu Gly Ala Asp  
 85 90 95

Ser Ile Phe Phe Ile Asn Glu His Gly Lys Ile Tyr Val Arg Gln Lys  
 100 105 110

Leu Asp Arg Glu Lys Lys Ser Phe Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
 115 120 125

Asn Arg Lys Thr Arg His Pro Ile Glu Pro Asp Ser Glu Phe Ile Ile  
 130 135 140

Lys Val Arg Asp Ile Asn Asp His Glu Pro Gln Phe Leu Asp Gly Pro  
 145 150 155 160

Tyr Val Ala Thr Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Ser Val Thr  
 165 170 175

Gln Val Thr Ala Thr Asp Gly Asp Asp Pro Ser Tyr Gly Asn Asn Ala  
 180 185 190

Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Ile Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu  
 195 200 205

Pro Lys Thr Gly Val Ile Arg Met Thr Ser Gln Met Asp Arg Glu Thr  
 210 215 220

Lys Asp Gln Tyr Leu Val Val Ile Gln Ala Lys Asp Met Val Gly Gln  
 225 230 235 240

Ala Gly Ala Phe Ser Ala Thr Ala Thr Val Thr Ile Asn Leu Ser Asp  
 245 250 255

Val Asn Asp Asn Pro Pro Lys Phe Gln Gln Arg Leu Tyr Tyr Leu Asn  
 260 265 270

Val Ser Glu Glu Ala Pro Val Gly Thr Thr Val Gly Arg Leu Leu Ala  
 275 280 285

Glu Asp Ser Asp Ile Gly Glu Asn Ala Ala Met Asn Tyr Phe Ile Glu  
 290 295 300

Glu Asp Ser Ser Asp Val Phe Gly Ile Ile Thr Asp Arg Glu Thr Gln  
 305 310 315 320

Glu Gly Ile Ile Ile Leu Lys Lys Arg Val Asp Tyr Glu Ser Lys Arg  
 325 330 335

Lys His Ser Val Arg Val Lys Ala Val Asn Arg Tyr Ile Asp Asp Arg  
 340 345 350

Phe Leu Lys Glu Gly Pro Phe Glu Asp Ile Thr Ile Val Gln Ile Ser  
 355 360 365

Val Val Asp Ala Asp Glu Pro Pro Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Val  
 370 375 380

Phe Glu Val Phe Glu Glu Thr Pro Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val  
 385 390 395 400

Ser Ala Thr Asp Pro Asp Asn Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile  
 405 410 415

Thr Arg Ser Lys Val Phe Asn Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr  
 420 425 430

Ser Asn Ser Leu Asp Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile  
 435 440 445

Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Ile Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Leu  
 450 455 460

Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Lys  
 465 470 475 480

Tyr Tyr Glu Thr Phe Val Cys Glu Asn Ala Val Pro Gly Gln Leu Ile  
 485 490 495

Gln Asn Ile Ser Ala Val Asp Lys Asp Asp Ser Ala Glu Asn His Arg  
 500 505 510

Phe Tyr Phe Ser Leu Ala Gln Ala Thr Asn Ser Ser His Phe Thr Val  
 515 520 525

Lys Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Gly Ile Phe Thr Ala Gly Ser Gly  
 530 535 540

Phe Ser Arg Lys Glu Gln Phe Tyr Phe Phe Leu Pro Ile Leu Ile Leu  
 545 550 555 560

Asp Asn Gly Ser Pro Pro Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Val Thr  
 565 570 575

Val Cys Asp Cys Asp Thr Glu Val Asn Thr Leu Tyr Cys Arg Tyr Gly  
 580 585 590



Ala Phe Leu Tyr Ser Ile Gly Leu Ser Thr Glu Ala Leu Val Ala Val  
595 600 605

Leu Ala Cys Leu Leu Ile Leu Leu Val Phe Phe Leu Ala Ile Ile Gly  
610 615 620

Ile Arg Gln Gln Arg Lys Lys Thr Leu Phe Ser Glu Lys Val Glu Glu  
625 630 635 640

Phe Arg Glu Asn Ile Val Arg Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu  
645 650 655

Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Ser Ala Leu Arg Thr Arg Ala Val Leu  
660 665 670

Arg Thr His Lys Pro Arg Lys Lys Ile Thr Thr Glu Ile His Ser Leu  
675 680 685

Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Gln  
690 695 700

Phe Ile Ser Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Ser Val Pro  
705 710 715 720

Pro Tyr Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu  
725 730 735

Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Asn Thr Ser Asp Val Asp Gln  
740 745 750

Asn Tyr Glu Tyr Leu Val Gly Trp Gly Pro Pro Phe Lys Gln Leu Ala  
755 760 765

Gly Met Tyr Thr Ser Gln Arg Ser Thr Arg Asp  
770 775

<210> 1456

<211> 785

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> (1-43)::FLAG::ckCDH19(44-468)::huCDH19(464-772)

<400> 1456

Met Asn Cys Ser Thr Phe Leu Ser Leu Val Leu Ala Leu Val Gln Leu  
1 5 10 15

Gln Leu Cys Ser Pro Thr Thr Gln Ile Phe Ser Ala Gln Lys Thr Asp  
20 25 30

Gln Ser Tyr Thr Thr Ile Arg Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
 35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Glu Pro Leu Phe Val Thr Glu Glu Glu  
 50 55 60

Thr Ser Thr Met Pro Met Tyr Val Gly Gln Leu Lys Ser Asp Leu Asp  
 65 70 75 80

Lys Glu Asp Gly Ser Leu Gln Tyr Ile Leu Thr Gly Glu Gly Ala Asp  
 85 90 95

Ser Ile Phe Phe Ile Asn Glu His Gly Lys Ile Tyr Val Arg Gln Lys  
 100 105 110

Leu Asp Arg Glu Lys Lys Ser Phe Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
 115 120 125

Asn Arg Lys Thr Arg His Pro Ile Glu Pro Asp Ser Glu Phe Ile Ile  
 130 135 140

Lys Val Arg Asp Ile Asn Asp His Glu Pro Gln Phe Leu Asp Gly Pro  
 145 150 155 160

Tyr Val Ala Thr Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Ser Val Thr  
 165 170 175

Gln Val Thr Ala Thr Asp Gly Asp Asp Pro Ser Tyr Gly Asn Asn Ala  
 180 185 190

Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Ile Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu  
 195 200 205

Pro Lys Thr Gly Val Ile Arg Met Thr Ser Gln Met Asp Arg Glu Thr  
 210 215 220

Lys Asp Gln Tyr Leu Val Val Ile Gln Ala Lys Asp Met Val Gly Gln  
 225 230 235 240

Ala Gly Ala Phe Ser Ala Thr Ala Thr Val Thr Ile Asn Leu Ser Asp  
 245 250 255

Val Asn Asp Asn Pro Pro Lys Phe Gln Gln Arg Leu Tyr Tyr Leu Asn  
 260 265 270

Val Ser Glu Glu Ala Pro Val Gly Thr Thr Val Gly Arg Leu Leu Ala  
 275 280 285

Glu Asp Ser Asp Ile Gly Glu Asn Ala Ala Met Asn Tyr Phe Ile Glu  
 290 295 300

Glu Asp Ser Ser Asp Val Phe Gly Ile Ile Thr Asp Arg Glu Thr Gln  
 305 310 315 320

Glu Gly Ile Ile Ile Leu Lys Lys Arg Val Asp Tyr Glu Ser Lys Arg  
 325 330 335

Lys His Ser Val Arg Val Lys Ala Val Asn Arg Tyr Ile Asp Asp Arg  
 340 345 350

Phe Leu Lys Glu Gly Pro Phe Glu Asp Ile Thr Ile Val Gln Ile Ser  
 355 360 365

Val Val Asp Ala Asp Glu Pro Pro Val Phe Thr Leu Glu Ser Tyr Val  
 370 375 380

Met Glu Ile Ala Glu Gly Val Val Ser Gly Ser Leu Val Gly Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Ala Arg Asp Leu Asp Asn Asp Asp Ser Ser Val Arg Tyr Ser Ile  
 405 410 415

Val Gln Gly Leu His Leu Lys Arg Leu Phe Ser Ile Asn Glu His Asn  
 420 425 430

Gly Thr Ile Ile Thr Thr Glu Pro Leu Asp Arg Glu Lys Ala Ser Trp  
 435 440 445

His Asn Ile Thr Val Thr Ala Thr Glu Thr Arg Asn Pro Glu Lys Ile  
 450 455 460

Ser Glu Ala Asn Val Tyr Ile Gln Val Leu Asp Val Asn Asp His Ala  
 465 470 475 480

Pro Glu Phe Ser Gln Tyr Tyr Glu Thr Tyr Val Cys Glu Asn Ala Gly  
 485 490 495

Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp Glu Ser  
 500 505 510

Ile Glu Glu His His Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp Thr Asn  
 515 520 525

Asn Ser Ser Phe Thr Ile Ile Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile  
 530 535 540

Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Asn Leu Gln Glu Glu Pro Val Phe Tyr  
545 550 555 560

Ile Ser Ile Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr  
565 570 575

Asn Thr Leu Thr Ile His Val Cys Asp Cys Gly Asp Ser Gly Ser Thr  
580 585 590

Gln Thr Cys Gln Tyr Gln Glu Leu Val Leu Ser Met Gly Phe Lys Thr  
595 600 605

Glu Val Ile Ile Ala Ile Leu Ile Cys Ile Met Ile Ile Phe Gly Phe  
610 615 620

Ile Phe Leu Thr Leu Gly Leu Lys Gln Arg Arg Lys Gln Ile Leu Phe  
625 630 635 640

Pro Glu Lys Ser Glu Asp Phe Arg Glu Asn Ile Phe Gln Tyr Asp Asp  
645 650 655

Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Ala Glu Leu  
660 665 670

Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr Thr Ser  
675 680 685

Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp  
690 695 700

Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn  
705 710 715 720

Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe  
725 730 735

Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Glu Ser Ala  
740 745 750

Val Ser Asp Gln Asp Glu Ser Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Pro  
755 760 765

Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys Met Phe Gly Ser Ala Val Gln Ser Asn  
770 775 780

Asn  
785

<210> 1457  
<211> 780  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> rhCDH19(1-43)::FLAG::rhCDH19(44-772)

<400> 1457

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Pro Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Gln  
20 25 30

Gln Pro Val Gly Ser His Leu Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met  
50 55 60

Asn Thr Thr Ser His His Val Gly Arg Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn  
65 70 75 80

Gly Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser  
85 90 95

Thr Phe Ile Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Glu Lys  
100 105 110

Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
115 120 125

Asp Ile Thr Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile  
130 135 140

Lys Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro  
145 150 155 160

Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile  
165 170 175

Gln Val Thr Ala Ser Asp Ala Asp Asp Pro Ser Ser Gly Asn Asn Ala  
180 185 190

Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu  
195 200 205

Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu  
 210 215 220

Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Gln  
 225 230 235 240

Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp  
 245 250 255

Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Thr  
 260 265 270

Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Thr Ile Met Ala  
 275 280 285

Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu  
 290 295 300

Glu Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn His Glu Thr Gln  
 305 310 315 320

Glu Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asn Phe Glu His Gln Asn  
 325 330 335

His Tyr Gly Ile Arg Ala Lys Val Lys Asn His His Val Asp Glu Gln  
 340 345 350

Leu Met Lys Tyr His Thr Glu Ala Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln  
 355 360 365

Val Glu Asp Val Asp Glu Pro Pro Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile  
 370 375 380

Phe Glu Ile Phe Glu Glu Thr Pro Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val  
 385 390 395 400

Ser Ala Thr Asp Pro Asp Asn Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile  
 405 410 415

Thr Arg Ser Lys Val Phe Asn Ile Asp Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr  
 420 425 430

Thr Asn Ser Leu Asp Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile  
 435 440 445

Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Ile Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Val  
 450 455 460

Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln  
 465 470 475 480

Tyr Tyr Glu Ser Tyr Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile  
 485 490 495

Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His  
 500 505 510 515

Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp Thr Asn Ser Ser Ser Phe Thr  
 515 520 525

Ile Ile Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr  
 530 535 540

Gly Phe Asn Leu Gln Glu Glu Pro Ile Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile  
 545 550 555 560

Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile  
 565 570 575

His Val Cys Asp Cys Asp Asp Ser Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr  
 580 585 590

Gln Glu Leu Met Leu Ser Met Gly Phe Lys Thr Glu Val Ile Ile Ala  
 595 600 605

Ile Leu Ile Cys Ile Met Val Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Thr Leu  
 610 615 620

Gly Leu Lys Gln Arg Arg Lys Gln Ile Leu Phe Pro Glu Lys Ser Glu  
 625 630 635 640

Asp Phe Arg Glu Asn Ile Phe Arg Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu  
 645 650 655

Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Val Ala Ala Leu Arg Ser Ser Thr Ile  
 660 665 670

Met Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr Thr Ser Ala Glu Ile Arg Ser  
 675 680 685

Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg  
 690 695 700

Lys Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asp Thr Asp Pro Cys Ala  
 705 710 715 720

Pro Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser  
725 730 735

Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Glu Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp  
740 745 750

Glu Ser Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu  
755 760 765

Ala Cys Met Phe Gly Ser Ala Val Gln Ser Asn Asn  
770 775 780

<210> 1458

<211> 723

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> caCDH19(1-42)::FLAG::caCDH19(43-770)

<400> 1458

Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn Lys Thr Asp Tyr His Ile Gly  
1 5 10 15

Gln Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys  
20 25 30

Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Ile Phe Val Ile Asp Glu Arg Thr  
35 40 45

Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Gln Lys Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu  
50 55 60

Tyr Thr Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Ser Thr Thr Gly Arg Ala Val  
65 70 75 80

Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn  
85 90 95

Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met  
100 105 110

Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln Val Thr Ala Thr Asp Ala Asp  
115 120 125

Asp Pro Ala Ser Gly Asn Asn Ala Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln  
130 135 140

Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Ile Glu Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile  
145 150 155 160



Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile  
165 170 175

Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Leu Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr  
180 185 190

Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe  
195 200 205

Lys Glu Arg Leu Tyr Arg Leu Thr Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly  
210 215 220

Thr Ser Ile Gly Arg Ile Met Ala Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn  
225 230 235 240

Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile  
245 250 255

Ile Thr Asn Asn Glu Thr Gln Glu Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys  
260 265 270

Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr Leu Ile Arg Ala Asn Val Lys  
275 280 285

Asn Arg His Val Ala Glu His Leu Met Glu Tyr His Val Glu Ala Ser  
290 295 300

Thr Thr Phe Val Arg Val Gln Val Glu Asp Glu Asp Glu Pro Pro Val  
305 310 315 320

Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Leu Phe Glu Ile Leu Glu Glu Ser Pro His  
325 330 335

Gly Ser Phe Val Gly Met Val Ser Ala Thr Asp Pro Asp Gln Arg Lys  
340 345 350

Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg Ser Lys Val Phe Ser Ile Asp  
355 360 365

Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn Pro Leu Asp Arg Glu Ile Ser  
370 375 380

Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Val Gln  
385 390 395 400

Gln Ile Ser Ala Val Pro Val Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp  
405 410 415

His Ala Pro Glu Phe Ser Glu Tyr Tyr Asp Ser Tyr Val Cys Glu Asn  
 420 425 430

Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp  
 435 440 445

Glu Ser Val Glu Asp His His Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp  
 450 455 460

Thr Lys Asn Ser Ser Phe Ile Ile Ile Asp Asn Glu Asp Asn Thr Ala  
 465 470 475 480

Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe Ser Leu Gln Glu Glu Pro Val  
 485 490 495

Phe Tyr Ile Ser Val Leu Ile Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr  
 500 505 510

Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Ile Cys Asp Cys Asp Asp Tyr Gly  
 515 520 525

Ser Thr Gln Thr Cys Arg Asp Lys Asp Leu Leu Leu Ser Met Gly Phe  
 530 535 540

Arg Thr Glu Val Ile Leu Ala Ile Leu Ile Ser Ile Met Ile Ile Phe  
 545 550 555 560

Gly Phe Ile Phe Leu Ile Leu Gly Leu Lys Gln Arg Arg Lys Pro Thr  
 565 570 575

Leu Phe Pro Glu Lys Gly Glu Asp Phe Arg Glu Asn Ile Phe Arg Tyr  
 580 585 590

Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Val  
 595 600 605

Gln Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr  
 610 615 620

Ala Ala Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly  
 625 630 635 640

Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu  
 645 650 655

Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr  
 660 665 670

Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly  
675 680 685

Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu Asn Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu  
690 695 700

Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys Met Phe Gly Ser Ala Met Gln  
705 710 715 720

Ser Asn Asn

<210> 1459

<211> 779

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> rhCDH19(1-43):FLAG::rhCDH19(44-141)::caCDH19(141-770)

<400> 1459

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Pro Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Gln  
20 25 30

Gln Pro Val Gly Ser His Leu Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met  
50 55 60

Asn Thr Thr Ser His His Val Gly Arg Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn  
65 70 75 80

Gly Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser  
85 90 95

Thr Phe Ile Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Glu Lys  
100 105 110

Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
115 120 125

Asp Ile Thr Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile  
130 135 140

Lys Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro  
 145 150 155 160

Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile  
 165 170 175

Gln Val Thr Ala Thr Asp Ala Asp Asp Pro Ala Ser Gly Asn Asn Ala  
 180 185 190

Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Ile Glu  
 195 200 205

Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu  
 210 215 220

Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Leu  
 225 230 235 240

Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp  
 245 250 255

Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Arg Leu Tyr Arg Leu Thr  
 260 265 270

Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Arg Ile Met Ala  
 275 280 285

Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu  
 290 295 300

Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn Asn Glu Thr Gln Glu  
 305 310 315 320

Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His  
 325 330 335

Tyr Leu Ile Arg Ala Asn Val Lys Asn Arg His Val Ala Glu His Leu  
 340 345 350

Met Glu Tyr His Val Glu Ala Ser Thr Thr Phe Val Arg Val Gln Val  
 355 360 365

Glu Asp Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Leu Phe  
 370 375 380

Glu Ile Leu Glu Glu Ser Pro His Gly Ser Phe Val Gly Met Val Ser  
 385 390 395 400

Ala Thr Asp Pro Asp Gln Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr  
405 410 415

Arg Ser Lys Val Phe Ser Ile Asp Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr  
420 425 430

Asn Pro Leu Asp Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr  
435 440 445

Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ala Val Pro Val Tyr  
450 455 460

Val Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Asp Ser Tyr Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln  
485 490 495

Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp Glu Ser Val Glu Asp His His Phe  
500 505 510

Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp Thr Lys Asn Ser Ser Phe Ile Ile  
515 520 525

Ile Asp Asn Glu Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly  
530 535 540

Phe Ser Leu Gln Glu Glu Pro Val Phe Tyr Ile Ser Val Leu Ile Ala  
545 550 555 560

Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His  
565 570 575

Ile Cys Asp Cys Asp Asp Tyr Gly Ser Thr Gln Thr Cys Arg Asp Lys  
580 585 590

Asp Leu Leu Leu Ser Met Gly Phe Arg Thr Glu Val Ile Leu Ala Ile  
595 600 605

Leu Ile Ser Ile Met Ile Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Ile Leu Gly  
610 615 620

Leu Lys Gln Arg Arg Lys Pro Thr Leu Phe Pro Glu Lys Gly Glu Asp  
625 630 635 640

Phe Arg Glu Asn Ile Phe Arg Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu  
645 650 655

Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Val Gln Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met  
660 665 670

Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr Ala Ala Ala Glu Ile Arg Ser Leu  
675 680 685

Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys  
690 695 700

Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro  
705 710 715 720

Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu  
725 730 735

Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu  
740 745 750

Asn Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala  
755 760 765

Cys Met Phe Gly Ser Ala Met Gln Ser Asn Asn  
770 775

<210> 1460

<211> 779

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> rhCDH19(1-43)::FLAG::rhCDH19(44-65)::caCDH19(65-770)

<400> 1460

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Pro Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Gln  
20 25 30

Gln Pro Val Gly Ser His Leu Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met  
50 55 60

Asn Thr Thr Ser His His Val Gly Arg Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn  
65 70 75 80

Gly Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser  
85 90 95

Ile Phe Val Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Gln Lys  
 100 105 110

Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Thr Leu Arg Ala Gln Val Ile  
 115 120 125

Asp Ser Thr Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile  
 130 135 140

Arg Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro  
 145 150 155 160

Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile  
 165 170 175

Gln Val Thr Ala Thr Asp Ala Asp Asp Pro Ala Ser Gly Asn Asn Ala  
 180 185 190

Arg Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Ile Glu  
 195 200 205

Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu  
 210 215 220

Gln Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Leu  
 225 230 235 240

Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp  
 245 250 255

Val Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Arg Leu Tyr Arg Leu Thr  
 260 265 270

Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Arg Ile Met Ala  
 275 280 285

Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu  
 290 295 300

Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn Asn Glu Thr Gln Glu  
 305 310 315 320

Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His  
 325 330 335

Tyr Leu Ile Arg Ala Asn Val Lys Asn Arg His Val Ala Glu His Leu  
 340 345 350

Met Glu Tyr His Val Glu Ala Ser Thr Thr Phe Val Arg Val Gln Val  
 355 360 365

Glu Asp Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Leu Phe  
 370 375 380

Glu Ile Leu Glu Glu Ser Pro His Gly Ser Phe Val Gly Met Val Ser  
 385 390 395 400

Ala Thr Asp Pro Asp Gln Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr  
 405 410 415

Arg Ser Lys Val Phe Ser Ile Asp Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr  
 420 425 430

Asn Pro Leu Asp Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr  
 435 440 445

Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ala Val Pro Val Tyr  
 450 455 460

Val Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Glu Tyr  
 465 470 475 480

Tyr Asp Ser Tyr Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln  
 485 490 495

Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp Glu Ser Val Glu Asp His His Phe  
 500 505 510

Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp Thr Lys Asn Ser Ser Phe Ile Ile  
 515 520 525

Ile Asp Asn Glu Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly  
 530 535 540

Phe Ser Leu Gln Glu Glu Pro Val Phe Tyr Ile Ser Val Leu Ile Ala  
 545 550 555 560

Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His  
 565 570 575

Ile Cys Asp Cys Asp Asp Tyr Gly Ser Thr Gln Thr Cys Arg Asp Lys  
 580 585 590

Asp Leu Leu Leu Ser Met Gly Phe Arg Thr Glu Val Ile Leu Ala Ile  
 595 600 605



Leu Ile Ser Ile Met Ile Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Ile Leu Gly  
610 615 620

Leu Lys Gln Arg Arg Lys Pro Thr Leu Phe Pro Glu Lys Gly Glu Asp  
625 630 635 640

Phe Arg Glu Asn Ile Phe Arg Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu  
645 650 655

Asp Thr Glu Ala Phe Asp Ile Val Gln Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met  
660 665 670

Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr Ala Ala Ala Glu Ile Arg Ser Leu  
675 680 685

Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys  
690 695 700

Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro  
705 710 715 720

Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu  
725 730 735

Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu  
740 745 750

Asn Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala  
755 760 765

Cys Met Phe Gly Ser Ala Met Gln Ser Asn Asn  
770 775

<210> 1461

<211> 778

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> caCDH19(1-43)::FLAG::caCDH19(44-87)::rhCDH19(89-114)::caCDH19(115-770)

<400> 1461

Met Asn Tyr Cys Phe Leu Leu Pro Leu Met Leu Gly Ile Pro Leu Ile  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Phe Thr Ala Ser Glu Ser Ser Lys Thr Glu Val Lys His  
20 25 30

Gln Ala Gly Ser His Leu Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp Asp  
 35 40 45

Asp Lys Gly Trp Met Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn  
 50 55 60

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

Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Thr  
 85 90 95

Phe Ile Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Glu Lys Leu  
 100 105 110

Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp  
 115 120 125

Ser Thr Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg  
 130 135 140

Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr  
 145 150 155 160

Glu Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln  
 165 170 175

Val Thr Ala Thr Asp Ala Asp Asp Pro Ala Ser Gly Asn Asn Ala Arg  
 180 185 190

Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Ile Glu Pro  
 195 200 205

Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln  
 210 215 220

Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Leu Pro  
 225 230 235 240

Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val  
 245 250 255

Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Arg Leu Tyr Arg Leu Thr Val  
 260 265 270

Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Arg Ile Met Ala Tyr  
 275 280 285

Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Asp  
 290 295 300

Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn Asn Glu Thr Gln Glu Gly  
 305 310 315 320

Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr  
 325 330 335

Leu Ile Arg Ala Asn Val Lys Asn Arg His Val Ala Glu His Leu Met  
 340 345 350

Glu Tyr His Val Glu Ala Ser Thr Thr Phe Val Arg Val Gln Val Glu  
 355 360 365

Asp Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Leu Phe Glu  
 370 375 380

Ile Leu Glu Glu Ser Pro His Gly Ser Phe Val Gly Met Val Ser Ala  
 385 390 395 400

Thr Asp Pro Asp Gln Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg  
 405 410 415

Ser Lys Val Phe Ser Ile Asp Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn  
 420 425 430

Pro Leu Asp Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala  
 435 440 445

Thr Glu Lys Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ala Val Pro Val Tyr Val  
 450 455 460

Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Glu Tyr Tyr  
 465 470 475 480

Asp Ser Tyr Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr  
 485 490 495

Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp Glu Ser Val Glu Asp His His Phe Tyr  
 500 505 510

Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp Thr Lys Asn Ser Ser Phe Ile Ile Ile  
 515 520 525

Asp Asn Glu Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe  
 530 535 540

Ser Leu Gln Glu Glu Pro Val Phe Tyr Ile Ser Val Leu Ile Ala Asp  
545 550 555 560

Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Ile  
565 570 575

Cys Asp Cys Asp Asp Tyr Gly Ser Thr Gln Thr Cys Arg Asp Lys Asp  
580 585 590

Leu Leu Leu Ser Met Gly Phe Arg Thr Glu Val Ile Leu Ala Ile Leu  
595 600 605

Ile Ser Ile Met Ile Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Ile Leu Gly Leu  
610 615 620

Lys Gln Arg Arg Lys Pro Thr Leu Phe Pro Glu Lys Gly Glu Asp Phe  
625 630 635 640

Arg Glu Asn Ile Phe Arg Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp  
645 650 655

Thr Glu Ala Phe Asp Ile Val Gln Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg  
660 665 670

Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr Ala Ala Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr  
675 680 685

Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe  
690 695 700

Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro  
705 710 715 720

Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala  
725 730 735

Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu Asn  
740 745 750

Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys  
755 760 765

Met Phe Gly Ser Ala Met Gln Ser Asn Asn  
770 775

<210> 1462  
<211> 778  
<212> BEJOK

<213> искусственная

<220>

<223> caCDH19(1-43)::FLAG::caCDH19(44-120)::rhCDH19(122-137)::caCDH19(137-770)

<400> 1462

Met Asn Tyr Cys Phe Leu Leu Pro Leu Met Leu Gly Ile Pro Leu Ile  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Phe Thr Ala Ser Glu Ser Ser Lys Thr Glu Val Lys His  
20 25 30

Gln Ala Gly Ser His Leu Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp Asp  
35 40 45

Asp Lys Gly Trp Met Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met Asn  
50 55 60

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

Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser Ile  
85 90 95

Phe Val Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Gln Lys Leu  
100 105 110

Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Thr Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp  
115 120 125

Ile Thr Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Lys  
130 135 140

Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Lys Phe Leu Asp Glu Pro Tyr  
145 150 155 160

Glu Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Leu Val Ile Gln  
165 170 175

Val Thr Ala Thr Asp Ala Asp Asp Pro Ala Ser Gly Asn Asn Ala Arg  
180 185 190

Leu Leu Tyr Ser Leu Leu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Ile Glu Pro  
195 200 205

Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln  
210 215 220

Asp Glu Tyr Trp Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Ile Gly Leu Pro  
 225 230 235 240

Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Leu Ser Asp Val  
 245 250 255

Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Arg Leu Tyr Arg Leu Thr Val  
 260 265 270

Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Arg Ile Met Ala Tyr  
 275 280 285

Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Asp  
 290 295 300

Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn Asn Glu Thr Gln Glu Gly  
 305 310 315 320

Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr  
 325 330 335

Leu Ile Arg Ala Asn Val Lys Asn Arg His Val Ala Glu His Leu Met  
 340 345 350

Glu Tyr His Val Glu Ala Ser Thr Thr Phe Val Arg Val Gln Val Glu  
 355 360 365

Asp Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Leu Phe Glu  
 370 375 380

Ile Leu Glu Glu Ser Pro His Gly Ser Phe Val Gly Met Val Ser Ala  
 385 390 395 400

Thr Asp Pro Asp Gln Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile Thr Arg  
 405 410 415

Ser Lys Val Phe Ser Ile Asp Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn  
 420 425 430

Pro Leu Asp Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala  
 435 440 445

Thr Glu Lys Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ala Val Pro Val Tyr Val  
 450 455 460

Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Glu Tyr Tyr  
 465 470 475 480

Asp Ser Tyr Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile Gln Thr  
 485 490 495

Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp Glu Ser Val Glu Asp His His Phe Tyr  
 500 505 510

Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp Thr Lys Asn Ser Ser Phe Ile Ile Ile  
 515 520 525

Asp Asn Glu Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr Gly Phe  
 530 535 540

Ser Leu Gln Glu Glu Pro Val Phe Tyr Ile Ser Val Leu Ile Ala Asp  
 545 550 555 560

Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile His Ile  
 565 570 575

Cys Asp Cys Asp Asp Tyr Gly Ser Thr Gln Thr Cys Arg Asp Lys Asp  
 580 585 590

Leu Leu Leu Ser Met Gly Phe Arg Thr Glu Val Ile Leu Ala Ile Leu  
 595 600 605

Ile Ser Ile Met Ile Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Ile Leu Gly Leu  
 610 615 620

Lys Gln Arg Arg Lys Pro Thr Leu Phe Pro Glu Lys Gly Glu Asp Phe  
 625 630 635 640

Arg Glu Asn Ile Phe Arg Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp  
 645 650 655

Thr Glu Ala Phe Asp Ile Val Gln Leu Arg Ser Ser Thr Ile Met Arg  
 660 665 670

Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr Ala Ala Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr  
 675 680 685

Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe  
 690 695 700

Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro  
 705 710 715 720

Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser Leu Ala  
 725 730 735

Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp Glu Asn  
740 745 750

Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Cys  
755 760 765

Met Phe Gly Ser Ala Met Gln Ser Asn Asn  
770 775

<210> 1463

<211> 780

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> rhCDH19(1-43)::FLAG::rhCDH19(44-141)::raCDH19(140-247)::rhCDH19(250-772)

<400> 1463

Met Asn Cys Tyr Leu Leu Leu Pro Phe Met Leu Gly Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Gly Ala Thr Glu Asn Ser Gln Thr Lys Lys Val Gln  
20 25 30

Gln Pro Val Gly Ser His Leu Arg Val Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Asn Gln Phe Phe Val Pro Glu Glu Met  
50 55 60

Asn Thr Thr Ser His His Val Gly Arg Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn  
65 70 75 80

Gly Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ser  
85 90 95

Thr Phe Ile Ile Asp Glu Arg Thr Gly Asp Ile Tyr Ala Ile Glu Lys  
100 105 110

Leu Asp Arg Glu Glu Arg Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile  
115 120 125

Asp Ile Thr Thr Gly Arg Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile  
130 135 140

Lys Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro  
145 150 155 160

Tyr Glu Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile



165

170

175

Lys Val Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asp Pro Thr Ser Gly Tyr His Ala  
180 185 190

Arg Ile Leu Tyr Asn Leu Glu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu  
195 200 205

Pro Thr Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu  
210 215 220

Gln Asp Thr Tyr Cys Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln  
225 230 235 240

Pro Gly Ala Leu Ser Gly Thr Thr Thr Ile Ser Ile Lys Leu Ser Asp  
245 250 255

Ile Asn Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Thr  
260 265 270

Val Ser Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Thr Ile Met Ala  
275 280 285

Tyr Asp Asn Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu  
290 295 300

Glu Asp Asp Ser Gln Thr Phe Asp Ile Ile Thr Asn His Glu Thr Gln  
305 310 315 320

Glu Gly Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asn Phe Glu His Gln Asn  
325 330 335

His Tyr Gly Ile Arg Ala Lys Val Lys Asn His His Val Asp Glu Gln  
340 345 350

Leu Met Lys Tyr His Thr Glu Ala Ser Thr Thr Phe Ile Lys Ile Gln  
355 360 365

Val Glu Asp Val Asp Glu Pro Pro Leu Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile  
370 375 380

Phe Glu Ile Phe Glu Glu Thr Pro Gln Gly Ser Phe Val Gly Val Val  
385 390 395 400

Ser Ala Thr Asp Pro Asp Asn Arg Lys Ser Pro Ile Arg Tyr Ser Ile  
405 410 415

Thr Arg Ser Lys Val Phe Asn Ile Asp Asp Asn Gly Thr Ile Thr Thr

420

425

430

Thr Asn Ser Leu Asp Arg Glu Ile Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Ile  
 435 440 445

Thr Ala Thr Glu Lys Tyr Asn Ile Glu Gln Ile Ser Ser Ile Pro Val  
 450 455 460

Tyr Val Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln  
 465 470 475 480

Tyr Tyr Glu Ser Tyr Val Cys Glu Asn Ala Gly Ser Gly Gln Val Ile  
 485 490 495

Gln Thr Ile Ser Ala Val Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Glu His His  
 500 505 510

Phe Tyr Phe Asn Leu Ser Val Glu Asp Thr Asn Ser Ser Ser Phe Thr  
 515 520 525

Ile Ile Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Thr Asn Arg Thr  
 530 535 540

Gly Phe Asn Leu Gln Glu Glu Pro Ile Phe Tyr Ile Ser Ile Leu Ile  
 545 550 555 560

Ala Asp Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile  
 565 570 575

His Val Cys Asp Cys Asp Asp Ser Gly Ser Thr Gln Thr Cys Gln Tyr  
 580 585 590

Gln Glu Leu Met Leu Ser Met Gly Phe Lys Thr Glu Val Ile Ile Ala  
 595 600 605

Ile Leu Ile Cys Ile Met Val Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Thr Leu  
 610 615 620

Gly Leu Lys Gln Arg Arg Lys Gln Ile Leu Phe Pro Glu Lys Ser Glu  
 625 630 635 640

Asp Phe Arg Glu Asn Ile Phe Arg Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu  
 645 650 655

Glu Asp Thr Glu Ala Phe Asp Val Ala Ala Leu Arg Ser Ser Thr Ile  
 660 665 670

Met Arg Glu Arg Lys Thr Arg Lys Thr Thr Ser Ala Glu Ile Arg Ser

675

680

685

Leu Tyr Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg  
 690 695 700

Lys Phe Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asp Thr Asp Pro Cys Ala  
 705 710 715 720

Pro Pro Phe Asp Ser Leu Gln Thr Tyr Ala Phe Glu Gly Thr Gly Ser  
 725 730 735

Leu Ala Gly Ser Leu Ser Ser Leu Glu Ser Ala Val Ser Asp Gln Asp  
 740 745 750

Glu Ser Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu  
 755 760 765

Ala Cys Met Phe Gly Ser Ala Val Gln Ser Asn Asn  
 770 775 780

<210> 1464

<211> 778

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> raCDH19(1-43)::FLAG::raCDH19(44-770)

<400> 1464

Met Asn His Tyr Phe Leu Lys Tyr Trp Ile Leu Met Val Pro Leu Ile  
 1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Lys Val Ala Glu Thr Leu Lys Ile Glu Lys Ala Gln  
 20 25 30

Arg Ala Val Pro Ser Leu Gly Arg Ala Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
 35 40 45

Asp Asp Lys Gly Trp Val Trp Lys Gln Phe Val Val Pro Glu Glu Met  
 50 55 60

Asp Thr Ile Gln His Val Gly Arg Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly  
 65 70 75 80

Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Thr Gly Asp Gly Ser Phe  
 85 90 95

Ser Ile Asp Glu Lys Thr Gly Asp Ile Phe Ala Met Gln Lys Leu Asp  
 100 105 110

Arg Glu Lys Gln Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr  
 115 120 125

Thr Ile Gly Lys Ala Val Glu Pro Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val  
 130 135 140

Ser Asp Val Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu  
 145 150 155 160

Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val  
 165 170 175

Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asp Pro Thr Ser Gly Tyr His Ala Arg Ile  
 180 185 190

Leu Tyr Asn Leu Glu Gln Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr  
 195 200 205

Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp  
 210 215 220

Thr Tyr Cys Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly  
 225 230 235 240

Ala Leu Ser Gly Thr Thr Thr Ile Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn  
 245 250 255

Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser  
 260 265 270

Glu Ser Ala Pro Ser Gly Thr Thr Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp  
 275 280 285

Asp Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Asp Tyr Ser Ile Glu Asp Asp  
 290 295 300

Glu Ser Gln Ile Phe Asp Ile Val Ile Asp Asn Glu Thr Gln Glu Gly  
 305 310 315 320

Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu His Gln Asn His Tyr  
 325 330 335

Gly Ile Arg Val Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala  
 340 345 350

Pro Ala His Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu  
 355 360 365

Asp Glu Asp Glu Pro Pro Thr Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Phe Glu  
 370 375 380

Ile Pro Glu Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Met Val Gly Thr Val Ser Ala  
 385 390 395 400

Val Asp Pro Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Ser Leu Ile Gly  
 405 410 415

Ser Lys Met Phe Asp Ile Asn Gly Asn Gly Thr Ile Val Thr Thr Asn  
 420 425 430

Leu Leu Asp Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Ser Val Thr Ala  
 435 440 445

Thr Glu Thr Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val  
 450 455 460

Gln Val Leu Asn Ile Asn Asp His Ala Pro Glu Phe Ser Gln Leu Tyr  
 465 470 475 480

Glu Thr Tyr Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Ile Gln Thr  
 485 490 495

Ile Ser Ala Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr  
 500 505 510

Phe Asn His Ser Val Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Ile Leu Thr  
 515 520 525

Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Ala Gly Phe  
 530 535 540

Ser Leu Lys Glu Glu Thr Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp  
 545 550 555 560

Asn Gly Ile Pro Pro Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val  
 565 570 575

Cys Asp Cys Gly Asp Ser Arg Ser Thr Glu Thr Cys Thr Ser Lys Glu  
 580 585 590

Leu Leu Phe Ile Met Gly Phe Lys Ala Glu Ala Ile Ile Ala Ile Val  
 595 600 605

Ile Cys Val Met Val Ile Phe Gly Phe Ile Phe Leu Ile Leu Ala Leu  
 610 615 620

Lys Gln Arg Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe  
625 630 635 640

Arg Glu Asn Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp  
645 650 655

Ser Glu Ala Phe Asp Ile Ile Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg  
660 665 670

Glu Arg Lys Pro Arg Lys Ser Arg Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr  
675 680 685

Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe  
690 695 700

Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Ser Ser Ala Pro Pro  
705 710 715 720

Phe Asp Ser Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala  
725 730 735

Gly Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Ser Val Thr Asp Gln Glu Asp Asp  
740 745 750

Phe Asp Tyr Leu Asn Asp Leu Gly Pro Cys Phe Lys Arg Leu Ala Asn  
755 760 765

Met Phe Gly Ser Ala Val Gln Pro Asp Asn  
770 775

<210> 1465

<211> 778

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> (1-43)::FLAG::muCDH19(44-323)::raCDH19(324-327)::muCDH19(328-770)

<400> 1465

Met Asn Tyr Cys Phe Leu Lys His Trp Ile Leu Met Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Lys Val Ser Glu Thr Leu Lys Ala Glu Lys Ala Arg  
20 25 30

Arg Thr Val Pro Ser Thr Trp Arg Ala Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met

50

55

60

Asp Asp Ile Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly  
65 70 75 80

Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe  
85 90 95

Ser Ile Asn Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp  
100 105 110

Arg Glu Glu Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr  
115 120 125

Thr Ile Gly Lys Ala Val Glu Thr Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val  
130 135 140

Leu Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu  
145 150 155 160

Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val  
165 170 175

Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asp Pro Ser Thr Gly Tyr His Ala Arg Ile  
180 185 190

Leu Tyr Asn Leu Glu Arg Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr  
195 200 205

Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp  
210 215 220

Thr Tyr Cys Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly  
225 230 235 240

Ala Leu Ser Gly Thr Thr Thr Val Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn  
245 250 255

Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser  
260 265 270

Glu Ser Ala Pro Ile Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp  
275 280 285

Asp Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp  
290 295 300

Asp Ser Lys Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly







Met Asn Tyr Cys Phe Leu Lys His Trp Ile Leu Met Ile Pro Leu Leu  
 1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Lys Val Ser Glu Thr Leu Lys Ala Glu Lys Ala Arg  
 20 25 30

Arg Thr Val Pro Ser Thr Trp Arg Ala Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
 35 40 45

Asp Asp Lys Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met  
 50 55 60

Asp Asp Ile Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly  
 65 70 75 80

Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe  
 85 90 95

Ser Ile Asn Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp  
 100 105 110

Arg Glu Glu Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr  
 115 120 125

Thr Ile Gly Lys Ala Val Glu Thr Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val  
 130 135 140

Leu Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu  
 145 150 155 160

Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val  
 165 170 175

Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asp Pro Ser Thr Gly Tyr His Ala Arg Ile  
 180 185 190

Leu Tyr Asn Leu Glu Arg Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr  
 195 200 205

Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp  
 210 215 220

Thr Tyr Cys Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly  
 225 230 235 240

Ala Leu Ser Gly Thr Thr Thr Val Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn  
 245 250 255

Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser  
 260 265 270

Glu Ser Ala Pro Ile Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp  
 275 280 285

Asp Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp  
 290 295 300

Asp Ser Lys Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly  
 305 310 315 320

Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu Gln Gln Ser Tyr Tyr  
 325 330 335

Gly Ile Arg Ala Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala  
 340 345 350

Pro Ala His Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu  
 355 360 365

Asp Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu  
 370 375 380

Ile Pro Glu Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala  
 385 390 395 400

Thr Asp Pro Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly  
 405 410 415

Ser Lys Met Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn  
 420 425 430

Met Leu Asp Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala  
 435 440 445

Thr Glu Thr Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val  
 450 455 460

Gln Val Phe Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr  
 465 470 475 480

Glu Thr Tyr Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile  
 485 490 495

Ile Ser Ala Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr  
 500 505 510

Phe Asn His Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr  
515 520 525

Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe  
530 535 540

Asn Leu Lys Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp  
545 550 555 560

Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val  
565 570 575

Cys Asp Cys Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly  
580 585 590

Leu Leu Phe Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met  
595 600 605

Ile Cys Val Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu  
610 615 620

Lys Gln Arg Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe  
625 630 635 640

Arg Glu Asn Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp  
645 650 655

Ser Glu Ala Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg  
660 665 670

Glu Arg Lys Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr  
675 680 685

Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe  
690 695 700

Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro  
705 710 715 720

Phe Asp Ser Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala  
725 730 735

Gly Ser Leu Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp  
740 745 750

Phe Asp Tyr Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser  
755 760 765

Met Phe Gly Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
770 775

<210> 1467

<211> 778

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> muCDH19(1-43)::FLAG::muCDH19(44-770)::huCDH19(271)

<400> 1467

Met Asn Tyr Cys Phe Leu Lys His Trp Ile Leu Met Ile Pro Leu Leu  
1 5 10 15

Trp Pro Cys Leu Lys Val Ser Glu Thr Leu Lys Ala Glu Lys Ala Arg  
20 25 30

Arg Thr Val Pro Ser Thr Trp Arg Ala Lys Arg Asp Tyr Lys Asp Asp  
35 40 45

Asp Asp Lys Ala Trp Val Trp Arg Pro Phe Val Val Leu Glu Glu Met  
50 55 60

Asp Asp Ile Gln Cys Val Gly Lys Leu Arg Ser Asp Leu Asp Asn Gly  
65 70 75 80

Asn Asn Ser Phe Gln Tyr Lys Leu Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ser Phe  
85 90 95

Ser Ile Asn Glu Arg Thr Gly Glu Ile Cys Ala Ile Gln Lys Leu Asp  
100 105 110

Arg Glu Glu Lys Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Ala Gln Val Ile Asp Thr  
115 120 125

Thr Ile Gly Lys Ala Val Glu Thr Glu Ser Glu Phe Val Ile Arg Val  
130 135 140

Leu Asp Ile Asn Asp Asn Glu Pro Arg Phe Leu Asp Glu Pro Tyr Glu  
145 150 155 160

Ala Ile Val Pro Glu Met Ser Pro Glu Gly Thr Phe Val Ile Lys Val  
165 170 175

Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asp Pro Ser Thr Gly Tyr His Ala Arg Ile  
180 185 190

Leu Tyr Asn Leu Glu Arg Gly Gln Pro Tyr Phe Ser Val Glu Pro Thr

195

200

205

Thr Gly Val Ile Arg Ile Ser Ser Lys Met Asp Arg Glu Leu Gln Asp  
 210 215 220

Thr Tyr Cys Val Ile Ile Gln Ala Lys Asp Met Leu Gly Gln Pro Gly  
 225 230 235 240

Ala Leu Ser Gly Thr Thr Thr Val Ser Ile Lys Leu Ser Asp Ile Asn  
 245 250 255

Asp Asn Lys Pro Ile Phe Lys Glu Ser Phe Tyr Arg Phe Thr Ile Ser  
 260 265 270

Glu Ser Ala Pro Thr Gly Thr Ser Ile Gly Lys Ile Met Ala Tyr Asp  
 275 280 285

Asp Asp Ile Gly Glu Asn Ala Glu Met Glu Tyr Ser Ile Glu Asp Asp  
 290 295 300

Asp Ser Lys Ile Phe Asp Ile Ile Ile Asp Asn Asp Thr Gln Glu Gly  
 305 310 315 320

Ile Val Ile Leu Lys Lys Lys Val Asp Phe Glu Gln Gln Ser Tyr Tyr  
 325 330 335

Gly Ile Arg Ala Lys Val Lys Asn Cys His Val Asp Glu Glu Leu Ala  
 340 345 350

Pro Ala His Val Asn Ala Ser Thr Thr Tyr Ile Lys Val Gln Val Glu  
 355 360 365

Asp Glu Asp Glu Pro Pro Val Phe Leu Leu Pro Tyr Tyr Ile Leu Glu  
 370 375 380

Ile Pro Glu Gly Lys Pro Tyr Gly Thr Ile Val Gly Thr Val Ser Ala  
 385 390 395 400

Thr Asp Pro Asp Arg Arg Gln Ser Pro Met Arg Tyr Tyr Leu Thr Gly  
 405 410 415

Ser Lys Met Phe Asp Ile Asn Asp Asn Gly Thr Ile Ile Thr Thr Asn  
 420 425 430

Met Leu Asp Arg Glu Val Ser Ala Trp Tyr Asn Leu Thr Val Thr Ala  
 435 440 445

Thr Glu Thr Tyr Asn Val Gln Gln Ile Ser Ser Ala His Val Tyr Val

450

455

460

Gln Val Phe Asn Ile Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Ser Gln Phe Tyr  
 465 470 475 480

Glu Thr Tyr Val Cys Glu Asn Ala Glu Ser Gly Glu Ile Val Gln Ile  
 485 490 495

Ile Ser Ala Ile Asp Arg Asp Glu Ser Ile Glu Asp His His Phe Tyr  
 500 505 510 515

Phe Asn His Ser Leu Glu Asp Thr Asn Asn Ser Ser Phe Met Leu Thr  
 515 520 525

Asp Asn Gln Asp Asn Thr Ala Val Ile Leu Ser Asn Arg Thr Gly Phe  
 530 535 540

Asn Leu Lys Glu Glu Pro Val Phe Tyr Met Ile Ile Leu Ile Ala Asp  
 545 550 555 560

Asn Gly Ile Pro Ser Leu Thr Ser Thr Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val  
 565 570 575

Cys Asp Cys Gly Asp Ser Arg Asn Thr Glu Thr Cys Ala Asn Lys Gly  
 580 585 590

Leu Leu Phe Ile Met Gly Phe Arg Thr Glu Ala Ile Ile Ala Ile Met  
 595 600 605

Ile Cys Val Met Val Ile Phe Gly Phe Phe Phe Leu Ile Leu Ala Leu  
 610 615 620

Lys Gln Arg Arg Lys Glu Thr Leu Phe Pro Glu Lys Thr Glu Asp Phe  
 625 630 635 640

Arg Glu Asn Ile Phe Cys Tyr Asp Asp Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp  
 645 650 655

Ser Glu Ala Phe Asp Ile Val Glu Leu Arg Gln Ser Thr Val Met Arg  
 660 665 670

Glu Arg Lys Pro Gln Arg Ser Lys Ser Ala Glu Ile Arg Ser Leu Tyr  
 675 680 685

Arg Gln Ser Leu Gln Val Gly Pro Asp Ser Ala Ile Phe Arg Lys Phe  
 690 695 700

Ile Leu Glu Lys Leu Glu Glu Ala Asn Thr Asp Pro Cys Ala Pro Pro

705 710 715 720

Phe Asp Ser Leu Gln Thr Phe Ala Tyr Glu Gly Thr Gly Ser Ser Ala  
725 730 735

Gly Ser Leu Ser Ser Leu Ala Ser Arg Asp Thr Asp Gln Glu Asp Asp  
740 745 750

Phe Asp Tyr Leu Asn Asp Leu Gly Pro Arg Phe Lys Arg Leu Ala Ser  
755 760 765

Met Phe Gly Ser Ala Val Gln Pro Asn Asn  
770 775

<210> 1468  
<211> 375  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302 CC x I2C

<400> 1468  
caggtgcagt tgggtggagtc tggggggaggc gtggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagt gtctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagt 375

<210> 1469  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302 CC x I2C

<400> 1469

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45



Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1470

<211> 318

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14302 CC x I2C

<400> 1470

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120

cagtcccctt tgctggtcac ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgctgg 300

accaagctga ccgtccta 318

<210> 1471

<211> 106

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 14302 CC x I2C

<400> 1471

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1472

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14302 CC x I2C

<400> 1472

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtgggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagt gtctggagtg ggtggcattt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180  
gcagactccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccaacg 360  
gtcaccgtct ctagtggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccagge 540  
cagtcccctt tgctggatc atcaagat accaagcggc cctcagggat cctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgcggg 720  
accaagctga ccgtccta 738

<210> 1473

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14302 CC x I2C

<400> 1473

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly



<211> 507  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14302 CC x I2C

<400> 1474

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1475

<211> 501

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x F12q0

<400> 1475

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys

180

185

190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435

440

445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 1476

<211> 501

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 CC x F12q0

<400> 1476

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140



Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 1477

<211> 429

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 21-14302 x I2C

<400> 1477

cggctgatcg aggacatctg cctgcccaga tggggctgcc tgtgggagga cgaccaggtg 60  
cagttgggtgg agtctggggg aggcgtggtc cagcctgggg ggtccctgag actctcctgt 120  
gcagcgtctg gattcacctt cagtagctat ggcatgcact gggtcgcgca ggctccaggc 180  
aaggggctgg agtgggtggc atttatatgg tatgatggaa gtaataaata ctatgcagac 240  
tccgtgaagg accgattcac catctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa 300  
atgaatagcc tgagagctga ggacacggct gtgtattact gtgcgagaag ggccgggtata 360  
ataggaacta taggctacta ctacggtatg gacgtctggg gcccaaggac cacggtcacc 420  
gtctctagt 429

<210> 1478

<211> 143

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 21-14302 x I2C

<400> 1478

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp  
65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
130 135 140

<210> 1479

<211> 318

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 21-14302 x I2C

<400> 1479

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120

cagtcccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300

accaagctga ccgtccta 318

<210> 1480

<211> 106

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 21-14302 x I2C

<400> 1480

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1481

<211> 792

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 21-14302 x I2C

<400> 1481

cggctgatcg aggacatctg cctgcccaaga tggggctgcc tgtgggagga cgaccaggtg 60  
cagttggtgg agtctggggg aggcgtggtc cagcctgggg ggtccctgag actctcctgt 120  
gcagcgtctg gattcacctt cagtagctat ggcattgact gggtcgccca ggctccaggc 180  
aaggggctgg agtgggtggc atttatatgg tatgatggaa gtaataaata ctatgcagac 240  
tccgtgaagg accgattcac catctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa 300  
atgaatagcc tgagagctga ggacacggct gtgtattact gtgcgagaag ggccgggtata 360  
ataggaacta taggctacta ctacggtatg gacgtctggg gcccaagggac cacggtcacc 420  
gtctctagtg gtggcggagg atctggcggg ggtggaagcg gaggcggcgg atcttctctat 480  
gaactgactc agccaccctc agtgtccgtg tccccaggac agacagccag catcacctgc 540  
tctggagata ggttggggga aaaatatact agctgggtatc agcagaggcc aggccagttcc 600  
cctttgctgg tcatctatca agataccaag cggccctcag ggatccctga gcgattctct 660

ggctccaact ctggtaacac agccactctg accatcagcg ggaccaggc tatggatgag 720  
gctgactatt actgtcaggc gtgggagagc agcactgtgg tttcggcgg agggaccaag 780  
ctgaccgtcc ta 792

<210> 1482

<211> 264

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 21-14302 x I2C

<400> 1482

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp  
65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly  
130 135 140

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr  
145 150 155 160

Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala  
165 170 175

Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp  
180 185 190

Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp  
195 200 205

Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser  
210 215 220

Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu  
225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly  
245 250 255

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
260

<210> 1483

<211> 525

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 21-14302 x I2C

<400> 1483

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp  
65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly

130

135

140

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr  
145 150 155 160

Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala  
165 170 175

Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp  
180 185 190

Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp  
195 200 205

Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser  
210 215 220

Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu  
225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly  
245 250 255

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
260 265 270

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
275 280 285

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
290 295 300

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
305 310 315 320

Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
325 330 335

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
340 345 350

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
355 360 365

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
370 375 380

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser





<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 21-14302 CC x I2C

<400> 1485

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu  
50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp  
65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
130 135 140

<210> 1486

<211> 318

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 21-14302 CC x I2C

<400> 1486

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgctgg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1487  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 21-14302 CC x I2C

<400> 1487

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1488  
<211> 792  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 21-14302 CC x I2C

<400> 1488

cggctgatcg aggacatctg cctgcccaga tggggctgcc tgtgggagga cgaccaggtg 60  
cagttggtgg agtctggggg aggcgtggtc cagcctgggg ggtccctgag actctcctgt 120  
gcagcgtctg gattcacctt cagtagctat ggcattgact ggggtccgcca ggctccaggc 180  
aagtgtctgg agtgggtggc atttatatgg tatgatggaa gtaataaata ctatgcagac 240  
tccgtgaagg accgattcac catctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa 300  
atgaatagcc tgagagctga ggacacggct gtgtattact gtgcgagaag ggccgggtata 360  
ataggaacta taggctacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 420  
gtctctagtg gaggcggagg atctggtggc ggtgggttctg gcggcggagg ctctctctat 480

gaactgactc agccaccctc agtgtccgtg tccccaggac agacagccag catcacctgc 540  
 tctggagata ggttggggga aaaatatact agctggtatc agcagaggcc aggccagtcc 600  
 cctttgctgg tcatctatca agataccaag cggccctcag ggatccctga gcgattctct 660  
 ggctccaact ctggtaacac agccactctg accatcagcg ggaccaggc tatggatgag 720  
 gctgactatt actgtcaggc gtgggagagc agcactgtgg tattcggctg cgggaccaag 780  
 ctgaccgtcc ta 792

<210> 1489

<211> 264

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 21-14302 CC x I2C

<400> 1489

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
 1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
 20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
 35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu  
 50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp  
 65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
 85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
 115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly  
 130 135 140

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr  
 145 150 155 160

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

165

170

175

Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp  
180 185 190

Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp  
195 200 205

Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser  
210 215 220

Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu  
225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly  
245 250 255

Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
260

<210> 1490

<211> 525

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 21-14302 CC x I2C

<400> 1490

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu  
50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp  
65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
 115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly  
 130 135 140

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr  
 145 150 155 160

Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala  
 165 170 175

Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp  
 180 185 190

Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp  
 195 200 205

Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser  
 210 215 220

Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu  
 225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly  
 245 250 255

Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
 260 265 270

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
 275 280 285

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
 290 295 300

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
 305 310 315 320

Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 325 330 335

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
 340 345 350

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 355 360 365

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
370 375 380

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
385 390 395 400

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
405 410 415

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
420 425 430

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
435 440 445

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
450 455 460

Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
465 470 475 480

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala  
485 490 495

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
500 505 510

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
515 520 525

<210> 1491

<211> 525

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-21

<400> 1491

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50

55

60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp





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

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp  
 500 505 510

Gly Cys Leu Trp Glu Asp Asp His His His His His His  
515 520 525

<210> 1493  
<211> 438  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302 x I2C x FcBY

<400> 1493  
caacgtttct gtaccggtca cttcgggtggt ctgtaccctg gtaatgggtgg tgggtgggtgg 60  
tcgcaggtgc agttgggtgga gtctggggga ggcgtgggtcc agcctggggg gtcacctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag 180  
gctccaggca aggggctgga gtgggtggca tttatatggt atgatggaag taataaatac 240  
tatgcagact ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300  
tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagt 438

<210> 1494  
<211> 146  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302 x I2C x FcBY

<400> 1494

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser  
145

<210> 1495  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14302 x I2C x FcBY

<400> 1495  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcacctt tgctggatc atcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga cgtccta 318

<210> 1496  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14302 x I2C x FcBY

<400> 1496

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1497  
<211> 801  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14302 x I2C x FcBY

<400> 1497  
caacgtttct gtaccggtca cttcgggtgg ctgtaccctgt gtaatggtgg tgggtgggtgg 60  
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctggggg gtccctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcaactg ggtccgccag 180  
gctccaggca aggggctgga gtgggtggca tttatatggt atgatggaag taataaatac 240  
tatgcagact ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300  
tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagtgg tggcggagga tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga 480  
tcttcctatg aactgactca gccaccctca gtgtccgtgt ccccaggaca gacagccagc 540  
atcacctgct ctggagatag gttgggggaa aaatatacta gctggtatca gcagaggcca 600  
ggccagtccc ctttgctggt catctatcaa gataccaagc ggccctcagg gatccctgag 660  
cgattctctg gctccaactc tggtaacaca gccactctga ccatcagcgg gaccaggt 720  
atggatgagg ctgactatta ctgtcaggcg tgggagagca gcaactgtggt attcggcgga 780  
gggaccaagc tgaccgtcct a 801

<210> 1498  
<211> 267  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14302 x I2C x FcBY

<400> 1498

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
 20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
 35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
 50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
 65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
 85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
 100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
 115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
 130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
 165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
 180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
 195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
 210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
 225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
 245 250 255

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 260 265

<210> 1499  
<211> 549  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14302 x I2C x FcBY

<400> 1499

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly





465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 1500  
<211> 438  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302 CC x I2C x FcBY

<400> 1500  
caacgtttct gtaccggtca cttcgggtggt ctgtaccctg gtaatggtgg tgggtggtggt 60  
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctggggg gtcctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag 180  
gctccaggca agtgtctgga gtgggtggca tttatatggt atgatggaag taataaatac 240  
tatgcagact ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattcaa gaacacgctg 300  
tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagt 438

<210> 1501  
<211> 146  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14302 CC x I2C x FcBY

<400> 1501

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val

20

25

30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser  
145

<210> 1502  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14302 CC x I2C x FcBY

<400> 1502  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgcggg 300  
accaagctga csgtccta 318

<210> 1503  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14302 CC x I2C x FcBY

<400> 1503

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1504

<211> 801

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14302 CC x I2C x FcBY

<400> 1504

```
caacgtttct gtaccggtca cttcgggtgg ctgtaccctg gtaatggtgg tgggtggtgg      60
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctggggg gtcctgaga      120
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag      180
gctccaggca agtgtctgga gtgggtggca tttatatggt atgatggaag taataaatac      240
tatgcagact ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattcca gaacacgctg      300
tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg      360
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc      420
acggtcaccg tctctagtgg aggcggagga tctggtggcg gtggttctgg cggcggaggg      480
tcctcctatg aactgactca gccaccctca gtgtccgtgt ccccaggaca gacagccagc      540
atcacctgct ctggagatag gttgggggaa aaatatacta gctggtatca gcagaggcca      600
ggccagtccc ctttgctggt catctatcaa gataccaagc ggcctcagg gatccctgag      660
cgattctctg gctccaactc tggtaacaca gccactctga ccatcagcgg gaccagggct      720
```

atggatgagg ctgactatta ctgtcaggcg tgggagagca gcaactgtggt attcggctgc 780  
gggaccaagc tgaccgtcct a 801

<210> 1505

<211> 267

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14302 CC x I2C x FcBY

<400> 1505

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile

195

200

205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
 210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
 225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
 245 250 255

Val Phe Gly Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 260 265

&lt;210&gt; 1506

&lt;211&gt; 549

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; CDH19 14302 CC x I2C x FcBY

&lt;400&gt; 1506

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
 1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
 20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
 35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
 50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
 65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
 85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
 100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
 115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
 130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly  
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
245 250 255

Val Phe Gly Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly  
260 265 270

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
275 280 285

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys  
290 295 300

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp  
305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala  
325 330 335

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn  
340 345 350

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val  
355 360 365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 1507

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14303 CC x I2C

<400> 1507

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagt gtctggagtg ggtggcattt atatggtatg agggaagtaa taaatactat 180  
gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcacctgtct ctagt 375

<210> 1508  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14303 CC x I2C

<400> 1508

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1509  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14303 CC x I2C

<400> 1509

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgctgg 300  
accaagctga ccgtccta 318



<210> 1510  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 14303 CC x I2C

<400> 1510

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1511  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14303 CC x I2C

<400> 1511

caggtgcagt tgggtggagtc tggggggaggc gtgggtccagc ctggggaggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagt gtctggagtg ggtggcattt atatggtatg agggaagtaa taaatactat 180  
gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga aaagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagtggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480

acctgctctg gagatagggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 540  
cagtccccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgctggg 720  
accaagctga ccgtccta 738

<210> 1512  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14303 CC x I2C

<400> 1512

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1513

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14303 CC x I2C

<400> 1513

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu

130

135

140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro



Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 1515

<211> 501

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14303 CC x F12q0

<400> 1515

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val

50

55

60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly





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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp  
500 505 510

Gly Cys Leu Trp Glu Asp Asp His His His His His His  
515 520 525

<210> 1517  
<211> 525  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14303 CC x I2C-21

<400> 1517

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp



465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp  
500 505 510

Gly Cys Leu Trp Glu Asp Asp His His His His His His  
515 520 525

<210> 1518  
<211> 438  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14303 x I2C x FcBY

<400> 1518  
caacgtttct gtaccgggtca cttcgggtggt ctgtaccctgt gtaatggtgg tgggtggtggt 60  
tcgcagggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctgggag gtccctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccaag 180  
gctccaggca aggggctgga gtgggtggca tttatatggt atgaggggaag taataaatac 240  
tatgcagagt cctggaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300  
tatctgcaaa tgaaaagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagt 438

<210> 1519  
<211> 146  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14303 x I2C x FcBY

<400> 1519

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys

50

55

60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Lys Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser  
145

<210> 1520  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 14303 x I2C x FcBY

<400> 1520  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1521  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 14303 x I2C x FcBY

<400> 1521

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

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

20

25

30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1522

<211> 801

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14303 x I2C x FcBY

<400> 1522

```

caacgtttct gtaccggtca cttcgggtggt ctgtaccctgt gtaatggtgg tgggtggtggt      60
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctgggag gtcacctgaga      120
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag      180
gctccaggca aggggctgga gtgggtggca tttatatggt atgaggggaag taataaatac      240
tatgcagagt ccgatgaagga ccgattcacc atctccagag acaattcca gaacacgctg      300
tatctgcaaa tgaaaagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg      360
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc      420
acggtcaccg tctctagtgg tggcggagga tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga      480
tcttcctatg aactgactca gccaccctca gtgtccgtgt ccccaggaca gacagccagc      540
atcacctgct ctggagatag gttgggggaa aaatatacta gctggtatca gcagaggcca      600
ggccagtccc ctttgctggt catctatcaa gataccaagc ggccctcagg gatccctgag      660
cgattctctg gctccaactc tggtaacaca gccactctga ccatcagcgg gaccaggct      720
atggatgagg ctgactatta ctgtcaggcg tgggagagca gcactgtggt attcggcgga      780
gggaccaagc tgaccgtcct a      801

```

<210> 1523

<211> 267

<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14303 x I2C x FcBY

<400> 1523

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Lys Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala



Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
 180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
 195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
 210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
 225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
 245 250 255

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly  
 260 265 270

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
 275 280 285

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys  
 290 295 300

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp  
 305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala  
 325 330 335

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn  
 340 345 350

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val  
 355 360 365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
 370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
 385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
 405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
 420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 1525  
<211> 438  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14303 CC x I2C x FcBY

<400> 1525  
caacgtttct gtaccgggtca cttcggtggt ctgtaccctg gtaatggtgg tgggtggtggt 60  
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctgggag gtccctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag 180  
gctccaggca agtgtctgga gtgggtggca tttatatggt atgagggag taataaatac 240  
tatgcagagt ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattcaa gaacacgctg 300  
tatctgcaaa tgaaaagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagt 438

<210> 1526  
<211> 146  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14303 CC x I2C x FcBY

<400> 1526

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Lys Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser  
145

<210> 1527

<211> 318

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY

<400> 1527

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagataggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120

cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgctgg 300

<210> 1528  
 <211> 106  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY

<400> 1528

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
 20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
 35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
 65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
 85 90 95

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

<210> 1529  
 <211> 801  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY

<400> 1529

caacgtttct gtaccgggtca cttcgggtggt ctgtaccctgt gtaatgggtgg tgggtgggtggt 60  
 tcgcagggtgc agttgggtgga gtctgggggga ggcgtgggtcc agcctggggag gtcacctgaga 120  
 ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag 180  
 gctccaggca agtgtctgga gtgggtggca tttatatggt atgaggggaag taataaatac 240  
 tatgcagagt ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300  
 tatctgcaaa tgaaaagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
 gccgggtataa taggaactat aggctactac tacgggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420

acggtcaccg tctctagtgg aggcggagga tctggtggcg gtggttctgg cggcggagggc 480  
 tcctcctatg aactgactca gccaccctca gtgtccgtgt ccccaggaca gacagccagc 540  
 atcacctgct ctggagatag gttgggggaa aaatatacta gctggtatca gcagaggcca 600  
 ggccagtccc ctttgctggt catctatcaa gataccaagc ggccctcagg gatccctgag 660  
 cgattctctg gctccaactc tggtaacaca gccactctga ccatcagcgg gaccaggct 720  
 atggatgagg ctgactatta ctgtcaggcg tgggagagca gcaactgtggt attcggtgc 780  
 gggaccaagc tgaccgtcct a 801

<210> 1530

<211> 267

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 14303 CC x I2C x FcBY

<400> 1530

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
 1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
 20 25 30

Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
 35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
 50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
 65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
 85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Lys Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
 100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
 115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
 130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
245 250 255

Val Phe Gly Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
260 265

<210> 1531

<211> 549

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14303 CC x I2C x FcBY

<400> 1531

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Lys Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr





355

360

365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 1532

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14039 CC x I2C

<400> 1532

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagt gtctggagtg ggtggcattt atatggtatg agggaagtaa taaatactat 180  
gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagt 375

<210> 1533  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH CDH19 14039 CC x I2C

<400> 1533

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1534  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 14039 CC x I2C

<400> 1534

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagatagggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggatcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat cctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgcggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1535  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 14039 CC x I2C

<400> 1535

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1536  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14039 CC x I2C

<400> 1536

caggtgcagt tgggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctggggggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcaactgggt ccgccaggct 120  
ccaggcaagt gtctggagtg ggtggcattt atatggtatg agggaagtaa taaatactat 180

gcagagtccg tgaaggaccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240  
ctgcaaatga atagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaagggcc 300  
ggtataatag gaactatagg ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct ctagtggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 480  
acctgctctg gagataggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccagge 540  
cagtcccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 600  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 660  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgcggg 720  
accaagctga ccgtccta 738

<210> 1537

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 14039 CC x I2C

<400> 1537

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu

130

135

140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
245

<210> 1538

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14039 CC x I2C

<400> 1538

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1539

<211> 501

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14039 x F12q0

<400> 1539

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val



50

55

60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly



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 Cys Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 1541  
<211> 429  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 21-14039 x I2C

<400> 1541

cggtgatcg aggcacatctg cctgcccaga tggggctgcc tgtgggagga cgaccaggtg 60  
cagttgggtgg agtctggggg aggcgtggtc cagcctgggg ggtccctgag actctcctgt 120  
gcagcgtctg gattcacctt cagtagctat ggcattgact gggtcgcgca ggctccaggg 180  
aaggggctgg agtgggtggc atttatatgg tatgagggaa gtaataaata ctatgcagag 240  
tccgtgaagg accgattcac catctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa 300  
atgaatagcc tgagagctga ggacacggct gtgtattact gtgcgagaag ggccgggtata 360  
ataggaacta taggctacta ctacggtatg gacgtctggg gcccaaggac cacggtcacc 420  
gtctctagt 429

<210> 1542

<211> 143

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 21-14039 x I2C

<400> 1542

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

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
130 135 140

<210> 1543  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 21-14039 x I2C

<400> 1543  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtccccct tgctggtcac ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1544  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 21-14039 x I2C

<400> 1544

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

<210> 1545  
<211> 792  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 21-14039 x I2C

<400> 1545  
cggctgatcg aggacatctg cctgcccaga tggggctgcc tgtgggagga cgaccaggtg 60  
cagttgggtgg agtctggggg aggcgtggtc cagcctgggg ggtccctgag actctcctgt 120  
gcagcgtctg gattcacctt cagtagctat ggcattgact gggtcggcca ggctccaggc 180  
aaggggctgg agtgggtggc atttatatgg tatgagggaa gtaataaata ctatgcagag 240  
tccgtgaagg accgattcac catctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa 300  
atgaatagcc tgagagctga ggacacggct gtgtattact gtgcgagaag ggccgggtata 360  
ataggaacta taggctacta ctacggtatg gacgtctggg gcccaaggac cacggtcacc 420  
gtctctagtg gtggcggagg atctggcgga ggtggaagcg gaggcggcgg atcttcctat 480  
gaactgactc agccaccctc agtgtccgtg tccccaggac agacagccag catcacctgc 540  
tctggagata ggttggggga aaaatatact agctgggtatc agcagaggcc aggccagtcc 600  
cctttgctgg tcatctatca agataccaag cggccctcag ggatccctga gcgattctct 660  
ggctccaact ctggtaacac agccactctg accatcagcg ggaccaggc tatggatgag 720  
gctgactatt actgtcaggc gtgggagagc agcactgtgg tattcggcgg agggaccaag 780  
ctgaccgtcc ta 792

<210> 1546  
<211> 264  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 21-14039 x I2C

<400> 1546

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu  
65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly  
130 135 140

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr  
145 150 155 160

Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala  
165 170 175

Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp  
180 185 190

Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp  
195 200 205

Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser  
210 215 220

Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu  
225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly  
245 250 255

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
260

<210> 1547

<211> 525

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 21-14039 x I2C

<400> 1547

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu





260

265

270

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
275 280 285

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
290 295 300

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
305 310 315 320

Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
325 330 335

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
340 345 350

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
355 360 365

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
370 375 380

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
385 390 395 400

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
405 410 415

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
420 425 430

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
435 440 445

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
450 455 460

Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
465 470 475 480

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala  
485 490 495

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
500 505 510

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

515

520

525

<210> 1548

<211> 429

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 21-14039 CC x I2C

<400> 1548

cggctgatcg aggacatctg cctgcccaga tggggctgcc tgtgggagga cgaccaggtg 60  
cagttgggtgg agtctggggg aggcgtggtc cagcctgggg ggtccctgag actctcctgt 120  
gcagcgtctg gattcacctt cagtagctat ggcattgact gggtcgcgca ggctccaggc 180  
aagtgtctgg agtgggtggc atttatatgg tatgagggaa gtaataaata ctatgcagag 240  
tccgtgaagg accgattcac catctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa 300  
atgaatagcc tgagagctga ggacacggct gtgtattact gtgcgagaag ggccggtata 360  
ataggaacta taggctacta ctacggtatg gacgtctggg gcccaaggac cacggtcacc 420  
gtctctagt 429

<210> 1549

<211> 143

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 21-14039 CC x I2C

<400> 1549

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

100

105

110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
130 135 140

<210> 1550

<211> 318

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 21-14039 CC x I2C

<400> 1550

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct csaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgcggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1551

<211> 106

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 21-14039 CC x I2C

<400> 1551

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val

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

<210> 1552

<211> 792

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 21-14039 CC x I2C

<400> 1552

cggctgatcg aggacatctg cctgcccaga tggggctgcc tgtgggagga cgaccaggtg 60  
 cagttggtgg agtctggggg aggcgtggtc cagcctgggg ggtccctgag actctcctgt 120  
 gcagcgtctg gattcacctt cagtagctat ggcattgact ggggtccgcca ggctccaggc 180  
 aagtgtctgg agtgggtggc atttatatgg tatgagggaa gtaataaata ctatgcagag 240  
 tccgtgaagg accgattcac catctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa 300  
 atgaatagcc tgagagctga ggacacggct gtgtattact gtgcgagaag ggccggtata 360  
 ataggaacta taggctacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 420  
 gtctctagtg gaggcggagg atctgggtggc ggtggttctg gcgggcggagg ctctctctat 480  
 gaactgactc agccaccctc agtgtccgtg tccccaggac agacagccag catcacctgc 540  
 tctggagata ggttggggga aaaatatact agctggtatc agcagaggcc aggccagtcc 600  
 cctttgctgg tcatctatca agataccaag cggccctcag ggatccctga gcgattctct 660  
 ggctccaact ctggtaacac agccactctg accatcagcg ggaccaggc tatggatgag 720  
 gctgactatt actgtcaggc gtgggagagc agcactgtgg tattcggctg cgggaccaag 780  
 ctgaccgtcc ta 792

<210> 1553

<211> 264

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 21-14039 CC x I2C

<400> 1553

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
 1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
 20 25 30

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

35

40

45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu  
 50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu  
 65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
 85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
 115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly  
 130 135 140

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr  
 145 150 155 160

Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala  
 165 170 175

Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp  
 180 185 190

Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp  
 195 200 205

Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser  
 210 215 220

Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu  
 225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly  
 245 250 255

Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 260

<210> 1554

<211> 525

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 21-14039 CC x I2C

<400> 1554

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
1 5 10 15

Asp Asp Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro  
20 25 30

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser  
35 40 45

Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu  
50 55 60

Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu  
65 70 75 80

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr  
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr  
115 120 125

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly  
130 135 140

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr  
145 150 155 160

Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala  
165 170 175

Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp  
180 185 190

Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp  
195 200 205

Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser  
210 215 220

Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu  
225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly  
245 250 255

Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
260 265 270

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
275 280 285

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
290 295 300

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
305 310 315 320

Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
325 330 335

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
340 345 350

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
355 360 365

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
370 375 380

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
385 390 395 400

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
405 410 415

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
420 425 430

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
435 440 445

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
450 455 460

Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
465 470 475 480

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala  
485 490 495



Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
500 505 510

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
515 520 525

<210> 1555

<211> 525

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14039 x I2C-21

<400> 1555

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys

180

185

190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435

440

445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp  
500 505 510

Gly Cys Leu Trp Glu Asp Asp His His His His His  
515 520 525

<210> 1556

<211> 525

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14039 CC x I2C-21

<400> 1556

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp  
500 505 510

Gly Cys Leu Trp Glu Asp Asp His His His His His His  
515 520 525

<210> 1557

<211> 438

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 14039 x I2C x FcBY

<400> 1557

caacgtttct gtaccggtca cttcgggtggt ctgtaccctgt gtaatggtgg tgggtggtggt 60

tgcgaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctggggg gtccctgaga 120

ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag 180

gctccaggca aggggctgga gtgggtggca tttatatggt atgaggggaag taataaatac 240

tatgcagagt ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300

tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360

gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420

acggtcaccg tctctagt 438

<210> 1558

<211> 146  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14039 x I2C x FcBY

<400> 1558

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser  
145

<210> 1559  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14039 x I2C x FcBY

<400> 1559

tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagatagggt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120

cagtcccctt tgctgggtcat ctatcaagat accaagcggc cctcagggat cctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1560  
<211> 106  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 14039 x I2C x FcBY

<400> 1560

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1561  
<211> 801  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14039 x I2C x FcBY

<400> 1561

caacgtttct gtaccggtca cttcgggtgg ctgtaccctg gtaatggtgg tgggtggtgg 60  
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctggggg gtcctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcaactg ggtccgccag 180  
gctccaggca aggggctgga gtgggtggca tttatatggt atgaggggaag taataaatac 240  
tatgcagagt ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300

tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagtgg tggcggagga tctggcggag gtggaagcgg aggcggcgga 480  
tcttcctatg aactgactca gccaccctca gtgtccgtgt ccccaggaca gacagccagc 540  
atcacctgct ctggagatag gttgggggaa aaatatacta gctgggtatca gcagaggcca 600  
ggccagtccc ctttgctggt catctatcaa gataccaagc ggcctcagg gatccctgag 660  
cgattctctg gctccaactc tggtaacaca gccactctga ccatcagcgg gaccaggct 720  
atggatgagg ctgactatta ctgtcaggcg tgggagagca gcactgtggt attcggcgga 780  
gggaccaagc tgaccgtcct a 801

<210> 1562

<211> 267

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 14039 x I2C x FcBY

<400> 1562

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140



Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
245 250 255

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
260 265

<210> 1563

<211> 549

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14039 x I2C x FcBY

<400> 1563

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser

85

90

95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
 100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
 115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
 130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
 165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
 180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
 195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
 210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
 225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
 245 250 255

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly  
 260 265 270

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
 275 280 285

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys  
 290 295 300

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp  
 305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala  
 325 330 335

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn

340

345

350

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val  
355 360 365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 1564

<211> 438

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 14039 CC x I2C x FcBY

<400> 1564

caacgtttct gtaccggtca cttcgggtggt ctgtaccctgt gtaatggtgg tgggtggtggt 60  
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctggggg gtccctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag 180  
gctccaggca agtgtctgga gtgggtggca tttatatggt atgaggggaag taataaatac 240  
tatgcagagt ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300  
tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacgggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagt 438

<210> 1565  
<211> 146  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 14039 CC x I2C x FcBY

<400> 1565

Gln Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Cys Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser

145

<210> 1566  
<211> 318  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY

<400> 1566  
tcctatgaac tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60  
acctgctctg gagataggtt gggggaaaaa tatactagct ggtatcagca gaggccaggc 120  
cagtcccctt tgctggtcac ctatcaagat accaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180  
ttctctggct ccaactctgg taacacagcc actctgacca tcagcggggac ccaggctatg 240  
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gagagcagca ctgtggtatt cggctgctgg 300  
accaagctga ccgtccta 318

<210> 1567  
<211> 106  
<212> БЕЛЮК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY

<400> 1567

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

<210> 1568

<211> 801  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY

<400> 1568  
caacgtttct gtaccggtca cttcgggtgg ctgtaccctg gtaatggtgg tgggtggtgg 60  
tcgcaggtgc agttggtgga gtctggggga ggcgtggtcc agcctggggg gtccctgaga 120  
ctctcctgtg cagcgtctgg attcaccttc agtagctatg gcatgcactg ggtccgccag 180  
gctccaggca agtgtctgga gtgggtggca tttatatggt atgaggggaag taataaatac 240  
tatgcagagt ccgtgaagga ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 300  
tatctgcaaa tgaatagcct gagagctgag gacacggctg tgtattactg tgcgagaagg 360  
gccggtataa taggaactat aggctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 420  
acggtcaccg tctctagtgg aggcggagga tctggtggcg gtggttctgg cggcggaggc 480  
tcctcctatg aactgactca gccaccctca gtgtccgtgt ccccaggaca gacagccagc 540  
atcacctgct ctggagatag gttgggggaa aaatatacta gctggtatca gcagaggcca 600  
ggccagtccc ctttgctggt catctatcaa gataccaagc ggccctcagg gatccctgag 660  
cgattctctg gctccaactc tggtaacaca gccactctga ccatcagcgg gaccaggct 720  
atggatgagg ctgactatta ctgtcaggcg tgggagagca gcactgtggt attcggctgc 780  
gggaccaagc tgaccgtcct a 801

<210> 1569  
<211> 267  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 14039 CC x I2C x FcBY

<400> 1569

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



Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
 20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
 35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
 50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr  
 65 70 75 80

Tyr Ala Glu Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
 85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
 100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
 115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
 130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
 165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
 180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
 195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
 210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
 225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
 245 250 255

Val Phe Gly Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly  
 260 265 270



Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
275 280 285

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys  
290 295 300

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp  
305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala  
325 330 335

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn  
340 345 350

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val  
355 360 365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 1571

<211> 532

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-156

<400> 1571

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys

180

185

190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435

440

445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Arg Asp  
500 505 510

Trp Asp Phe Asp Val Phe Gly Gly Gly Thr Pro Val Gly Gly His His  
515 520 525

His His His His  
530

<210> 1572

<211> 549

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-LFcBY

<400> 1572

Gln Arg Phe Val Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Ala Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
 115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
 130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
 165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
 180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
 195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
 210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
 225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
 245 250 255

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly  
 260 265 270

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
 275 280 285

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys  
 290 295 300

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp  
 305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala  
 325 330 335

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn  
 340 345 350

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val  
 355 360 365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 1573

<211> 527

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-LFcBY-156

<400> 1573

Gln Arg Phe Val Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Ala Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val

20

25

30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Gly Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
245 250 255

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly  
260 265 270

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

275

280

285

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys  
 290 295 300

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp  
 305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala  
 325 330 335

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn  
 340 345 350

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val  
 355 360 365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
 370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
 385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
 405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
 420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
 435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
 450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
 465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
 485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
 500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser  
 515 520 525

&lt;210&gt; 1574



<211> 514  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14302 x I2C-Cys-Loop

<400> 1574

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Gly Cys Gly Gly Gly Cys His His His His  
500 505 510

His His

<210> 1575

<211> 1100

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-HALB

<400> 1575

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln

165

170

175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420

425

430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ala His Lys Ser  
 500 505 510

Glu Val Ala His Arg Phe Lys Asp Leu Gly Glu Glu Asn Phe Lys Ala  
 515 520 525

Leu Val Leu Ile Ala Phe Ala Gln Tyr Leu Gln Gln Cys Pro Phe Glu  
 530 535 540

Asp His Val Lys Leu Val Asn Glu Val Thr Glu Phe Ala Lys Thr Cys  
 545 550 555 560

Val Ala Asp Glu Ser Ala Glu Asn Cys Asp Lys Ser Leu His Thr Leu  
 565 570 575

Phe Gly Asp Lys Leu Cys Thr Val Ala Thr Leu Arg Glu Thr Tyr Gly  
 580 585 590

Glu Met Ala Asp Cys Cys Ala Lys Gln Glu Pro Glu Arg Asn Glu Cys  
 595 600 605

Phe Leu Gln His Lys Asp Asp Asn Pro Asn Leu Pro Arg Leu Val Arg  
 610 615 620

Pro Glu Val Asp Val Met Cys Thr Ala Phe His Asp Asn Glu Glu Thr  
 625 630 635 640

Phe Leu Lys Lys Tyr Leu Tyr Glu Ile Ala Arg Arg His Pro Tyr Phe  
 645 650 655

Tyr Ala Pro Glu Leu Leu Phe Phe Ala Lys Arg Tyr Lys Ala Ala Phe  
 660 665 670

Thr Glu Cys Cys Gln Ala Ala Asp Lys Ala Ala Cys Leu Leu Pro Lys

675

680

685

Leu Asp Glu Leu Arg Asp Glu Gly Lys Ala Ser Ser Ala Lys Gln Arg  
 690 695 700

Leu Lys Cys Ala Ser Leu Gln Lys Phe Gly Glu Arg Ala Phe Lys Ala  
 705 710 715 720

Trp Ala Val Ala Arg Leu Ser Gln Arg Phe Pro Lys Ala Glu Phe Ala  
 725 730 735

Glu Val Ser Lys Leu Val Thr Asp Leu Thr Lys Val His Thr Glu Cys  
 740 745 750

Cys His Gly Asp Leu Leu Glu Cys Ala Asp Asp Arg Ala Asp Leu Ala  
 755 760 765

Lys Tyr Ile Cys Glu Asn Gln Asp Ser Ile Ser Ser Lys Leu Lys Glu  
 770 775 780

Cys Cys Glu Lys Pro Leu Leu Glu Lys Ser His Cys Ile Ala Glu Val  
 785 790 795 800

Glu Asn Asp Glu Met Pro Ala Asp Leu Pro Ser Leu Ala Ala Asp Phe  
 805 810 815

Val Glu Ser Lys Asp Val Cys Lys Asn Tyr Ala Glu Ala Lys Asp Val  
 820 825 830

Phe Leu Gly Met Phe Leu Tyr Glu Tyr Ala Arg Arg His Pro Asp Tyr  
 835 840 845

Ser Val Val Leu Leu Leu Arg Leu Ala Lys Thr Tyr Glu Thr Thr Leu  
 850 855 860

Glu Lys Cys Cys Ala Ala Ala Asp Pro His Glu Cys Tyr Ala Lys Val  
 865 870 875 880

Phe Asp Glu Phe Lys Pro Leu Val Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys  
 885 890 895

Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn  
 900 905 910

Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro  
 915 920 925

Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys

930

935

940

Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu  
945 950 955 960

Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val  
965 970 975

Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg  
980 985 990

Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu  
995 1000 1005

Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu  
1010 1015 1020

Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu  
1025 1030 1035

Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
1040 1045 1050

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala  
1055 1060 1065

Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val  
1070 1075 1080

Ala Ala Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu Asp Tyr His His His His  
1085 1090 1095

His His  
1100

<210> 1576

<211> 717

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-GS-D3HSA

<400> 1576

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285



Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn  
 500 505 510

Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys  
 515 520 525

Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val  
 530 535 540

Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly  
545 550 555 560

Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu  
565 570 575

Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys  
580 585 590

Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val  
595 600 605

Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val  
610 615 620

Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys  
625 630 635 640

Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val  
645 650 655

Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
660 665 670

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp  
675 680 685

Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala  
690 695 700

Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu His His His His His His  
705 710 715

<210> 1577

<211> 727

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-3GS-D3HSA

<400> 1577

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg

290

295

300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
500 505 510

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys  
515 520 525

Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu  
530 535 540

Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val



Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn  
 500 505 510

Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys  
 515 520 525

Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val  
 530 535 540

Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly  
545 550 555 560

Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu  
565 570 575

Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys  
580 585 590

Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val  
595 600 605

Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val  
610 615 620

Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys  
625 630 635 640

Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val  
645 650 655

Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
660 665 670

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp  
675 680 685

Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala  
690 695 700

Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
705 710 715 720

Arg Asp Trp Asp Phe Asp Val Phe Gly Gly Gly Thr Pro Val Gly Gly  
725 730 735

His His His His His His  
740

<210> 1579

<211> 752

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-3GS-D3HSA-156

<400> 1579

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly





260

265

270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
500 505 510

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys

515

520

525

Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu  
 530 535 540

Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val  
 545 550 555 560

Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys Cys Lys His  
 565 570 575

Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu Ser Val Val  
 580 585 590

Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val Ser Asp Arg  
 595 600 605

Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg Pro Cys Phe  
 610 615 620

Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu Phe Asn Ala  
 625 630 635 640

Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu Ser Glu Lys Glu  
 645 650 655

Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu Leu Val Lys His Lys  
 660 665 670

Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala Val Met Asp Asp Phe Ala  
 675 680 685

Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe  
 690 695 700

Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala Ser Gln Ala Ala Leu Gly  
 705 710 715 720

Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Arg Asp Trp Asp Phe Asp  
 725 730 735

Val Phe Gly Gly Gly Thr Pro Val Gly Gly His His His His His His  
 740 745 750

&lt;210&gt; 1580

&lt;211&gt; 744

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 x I2C-GS-D3HSA-21

<400> 1580

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn  
500 505 510

Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys  
515 520 525

Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val  
530 535 540 545

Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly  
545 550 555 560

Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu  
565 570 575

Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys  
580 585 590

Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val  
595 600 605

Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val  
610 615 620

Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys  
625 630 635 640

Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val  
645 650 655

Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
660 665 670

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp  
675 680 685

Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala  
690 695 700

Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
705 710 715 720

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
725 730 735

Asp Asp His His His His His His  
740

<210> 1581  
<211> 754  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14302 x I2C-3GS-D3HSA-21

<400> 1581

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp







725

730

735

Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu Asp Asp His His His His  
740 745 750

His His

<210> 1582  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65231.002

<400> 1582

Ser Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1583  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65231.002

<400> 1583

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1584  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65231.002

<400> 1584

Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met Asp  
1 5 10 15

Val

<210> 1585  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65231.002

<400> 1585

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1586

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65231.002

<400> 1586

Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1587

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> QQYGSSPFT

<400> 1587

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Phe Thr  
1 5

<210> 1588

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65231.002

<400> 1588

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctggccaage cctccgagac actgtccctg 60

acctgcaccg tgtccggcga ctccatcacc tctactact ggtcctggat ccggcagccc 120

cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180

cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240

aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag ggaccagcgg 300

agaatcgccg ctgccggcac ccacttctac ggcattgatg tgtggggcca gggcacctc 360

gtgaccgtgt ctagc 375

<210> 1589

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65231.002

<400> 1589

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1590

<211> 327

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65231.002

<400> 1590

gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgca gaggctcca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 120  
cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggcacctcct ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ccggctggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct ccagcccctt caccttcggc 300  
ggaggacca aggtggaat caagtcc 327

<210> 1591

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65231.002

<400> 1591

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1592

<211> 747

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65231.002

<400> 1592

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctggccaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcga ctccatcacc tctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag ggaccagcgg 300  
agaatcgccg ctgccggcac ccacttctac ggcatggatg tgtggggcca gggcaccctc 360  
gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gcctggcga gagagccacc 480  
ctgtcctgca gaggctcca gtccgtgtcc tctcctacc tggcctggta tcagcagaag 540  
cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggcacctcct ccagagccac cggcatcctc 600  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcacc tgaccatcag ccggctggaa 660

cccaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct ccagcccctt caccttggc 720  
ggaggcacca aggtggaaat caagtcc 747

<210> 1593  
<211> 249  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65231.002

<400> 1593

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu  
130 135 140

Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr  
145 150 155 160

Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp  
165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Thr  
180 185 190

Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195

200

205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe  
210 215 220

Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Phe Thr Phe Gly  
225 230 235 240

Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
245

<210> 1594

<211> 509

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65231.002 x I2C

<400> 1594

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu  
130 135 140

Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr  
145 150 155 160

Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp  
 165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Thr  
 180 185 190

Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
 195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe  
 210 215 220

Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240

Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
 245 250 255

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
 260 265 270

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
 275 280 285

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
 290 295 300

Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 305 310 315 320

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
 325 330 335

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 340 345 350

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
 355 360 365

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
 385 390 395 400

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
 405 410 415



Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
420 425 430

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
435 440 445

Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
450 455 460

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

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
485 490 495

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1595

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65231.003

<400> 1595

Ser Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1596

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65231.003

<400> 1596

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1597

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65231.003

<400> 1597

Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met Asp

1

5

10

15

Val

<210> 1598  
 <211> 12  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> CDR-L1 CDH19 65231.003  
 <400> 1598

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
 1 5 10

<210> 1599  
 <211> 7  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> CDR-L2 CDH19 65231.003  
 <400> 1599

Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr  
 1 5

<210> 1600  
 <211> 9  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> CDR-L3 CDH19 65231.003  
 <400> 1600

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Phe Thr  
 1 5

<210> 1601  
 <211> 375  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VH CDH19 65231.003

<400> 1601  
 caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctggccaagc cctccgagac actgtccctg 60  
 acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcacc tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180

cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag ggaccagcgg 300  
 agaatcgccg ctgccggcac ccacttctac ggcattggatg tgtggggcca gggcacctc 360  
 gtgaccgtgt ctagc 375

<210> 1602  
 <211> 125  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VH CDH19 65231.003

<400> 1602

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Thr Ser Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120 125

<210> 1603  
 <211> 327  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VL CDH19 65231.003

<400> 1603

gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
 ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 120

cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggcacctcct ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ccggctggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct ccagcccctt caccttggc 300  
caaggcacca aggtggaat caagtcc 327

<210> 1604  
<211> 109  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> VL CDH19 65231.003

<400> 1604

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95

Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1605  
<211> 747  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
  
<220>  
<223> VH-VL CDH19 65231.003

<400> 1605

caggtgcagc tgcaggaatc cggcctggc ctggccaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcacc tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240

aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag ggaccagcgg 300  
agaatcgccg ctgccggcac ccacttctac ggcattgatg tgtggggcca gggcacccctc 360  
gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 480  
ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 540  
cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcacctct ccagagccac cggcatccct 600  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ccggctggaa 660  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct ccagcccctt caccttcggc 720  
caaggcacca aggtggaat caagtcc 747

<210> 1606  
<211> 249  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65231.003

<400> 1606

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu  
130 135 140

Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr  
145 150 155 160

Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp  
165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Thr  
180 185 190

Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe  
210 215 220

Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Phe Thr Phe Gly  
225 230 235 240

Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
245

<210> 1607

<211> 509

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65231.003 x I2C

<400> 1607

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Ala Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Thr Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gln Arg Arg Ile Ala Ala Ala Gly Thr His Phe Tyr Gly Met



355

360

365

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
385 390 395 400

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
405 410 415

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
420 425 430

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
435 440 445

Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
450 455 460

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

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
485 490 495

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1608

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65234.001

<400> 1608

Ser Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1609

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65234.001

<400> 1609

Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser



1 5 10 15

<210> 1610  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65234.001

<400> 1610

Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile  
1 5 10

<210> 1611  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65234.001

<400> 1611

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1612  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65234.001

<400> 1612

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1613  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65234.001

<400> 1613

Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr  
1 5

<210> 1614  
<211> 366  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65234.001

<400> 1614

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcaac tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccctgtact actgcgccag agactcccgg 300  
tacagatccg ggtggtacga cgccttcgac atctggggcc agggcaccat ggtcaccgtg 360  
tcctct 366

<210> 1615

<211> 122

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 65234.001

<400> 1615

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

<210> 1616

<211> 327

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65234.001

<400> 1616

gatatcgtgc tgaccsagtc ccccggcacc ctgtctctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgca gaggctctca gtccgtggcc ggctcctacc tggcttggtgta tcagcagaag 120  
cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ctagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ccggctggaa 240  
cccgaggact tcgccgtgta ctattgccag cagtacggca agtcccccat caccttcggc 300  
cagggaaccs ggctggaat gaagtcc 327

<210> 1617

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65234.001

<400> 1617

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Ser  
100 105

<210> 1618

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65234.001

<400> 1618  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcaac tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccctgtact actgcgccag agactcccgg 300  
tacagatccg ggtggtacga cgccttcgac atctggggcc agggcaccat ggtcacctgtg 360  
tcctctggtg gcggaggctc tggcggaggt ggaagcggag gcggcggatc cgatatcgtg 420  
ctgaccagcgt cccccggcac cctgtctctg agccctggcg agagagccac cctgtcctgc 480  
agagcctctc agtccgtggc cggctcctac ctggcttggg atcagcagaa gcccggccag 540  
gccctcggc tgctgatcta cggcgcctct tctagagcca ccggcatccc tgaccggttc 600  
tccggtctg gtcccggcac cgacttcacc ctgaccatca gccggctgga acccgaggac 660  
ttcgccgtgt actattgcca gcagtacggc aagtccccca tcaccttcgg ccaggggaacc 720  
cggctggaaa tgaagtcc 738

<210> 1619  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ  
<220>  
<223> VH-VL CDH19 65234.001

<400> 1619  
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15  
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30  
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45  
Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60  
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80  
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95  
Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp

100

105

110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser  
130 135 140

Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys  
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln  
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg  
180 185 190

Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp  
195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr  
210 215 220

Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr  
225 230 235 240

Arg Leu Glu Met Lys Ser  
245

<210> 1620

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65234.001 x I2C

<400> 1620

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Asn Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser  
130 135 140

Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys  
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln  
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg  
180 185 190

Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp  
195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr  
210 215 220

Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr  
225 230 235 240

Arg Leu Glu Met Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1621

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65234.004

<400> 1621

Ser Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1622

<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65234.004

<400> 1622

Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1623  
<211> 14  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65234.004

<400> 1623

Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile  
1 5 10

<210> 1624  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65234.004

<400> 1624

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1625  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65234.004

<400> 1625

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1626  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65234.004

<400> 1626



Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr  
1 5

<210> 1627  
<211> 366  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65234.004

<400> 1627  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccttggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcagc tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcgggtccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gcctgtact actgcgccag agagtcccgg 300  
tacagatccg ggtggtaga cgccttcgac atctggggcc agggcaccat ggtcaccgtg 360  
tcctct 366

<210> 1628  
<211> 122  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65234.004

<400> 1628

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp

100

105

110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1629

<211> 327

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65234.004

<400> 1629

gatatcgtgc tgaccsagtc ccccggcacc ctgtctctga gccctggcga gagagccacc	60
ctgtcctgca gaggctctca gtccgtggcc ggctcctacc tggcttggtgta tcagcagaag	120
cccgccsagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ctagagccac cggcatcct	180
gaccggttct ccggtcttgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ccggctggaa	240
cccgaggact tcgccgtgta ctattgccag cagtacggca agtcccccat caccttcggc	300
cagggaaccs ggctggaaat gaagtcc	327

<210> 1630

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65234.004

<400> 1630

Asp Ile Val 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 Ala Gly Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro  
85 90 95

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Met Lys Ser

<210> 1631  
 <211> 738  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65234.004

<400> 1631  
 caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
 acctgcaccg tgtccggcgg ctccatcagc tcctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180  
 cccagcctga agtccagagt gaccatctcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccctgtact actgcgccag agagtcccgg 300  
 tacagatccg ggtggtacga cgccttcgac atctggggcc agggcaccat ggtcaccgtg 360  
 tcctctggtg gcggaggctc tggcggaggt ggaagcggag gcggcggatc cgatatcgtg 420  
 ctgaccagcgt cccccggcac cctgtctctg agccctggcg agagagccac cctgtcctgc 480  
 agagcctctc agtccgtggc cggctcctac ctggcttgggt atcagcagaa gcccgccag 540  
 gccctcggc tgctgatcta cggcgcctct tctagagcca ccggcatccc tgaccggttc 600  
 tccggtctg gctccggcac cgacttcacc ctgaccatca gccggctgga acccgaggac 660  
 ttcgccgtgt actattgcca gcagtacggc aagtccccca tcaccttcgg ccaggggaacc 720  
 cggctggaaa tgaagtcc 738

<210> 1632  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65234.004

<400> 1632

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser  
130 135 140

Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys  
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln  
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg  
180 185 190

Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp  
195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr  
210 215 220

Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr  
225 230 235 240

Arg Leu Glu Met Lys Ser  
245

<210> 1633

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65234.004 x I2C

<400> 1633

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20

25

30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Glu Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Trp Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser  
130 135 140

Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys  
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ala Gly Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln  
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg  
180 185 190

Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp  
195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr  
210 215 220

Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr  
225 230 235 240

Arg Leu Glu Met Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275

280

285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
 405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
 420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
 435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
 450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
 485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
 500 505

&lt;210&gt; 1634

&lt;211&gt; 5

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65235.005

<400> 1634

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1635  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65235.005

<400> 1635

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1636  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65235.005

<400> 1636

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1637  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65235.005

<400> 1637

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1638  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65235.005

<400> 1638

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1639  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65235.005

<400> 1639

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1640  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65235.005

<400> 1640  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgtac 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtcctct 360

<210> 1641  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65235.005

<400> 1641

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe



50

55

60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1642

<211> 333

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65235.005

<400> 1642

cagtctgcc tgaccagcc tccctccgtc accggcacac ctggccagcg cgtgaccatc 60

tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta ccagcagctg 120

cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctccaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tccgaggacg aggccgacta ctactgtgcc acctacgacg agtccatgca gggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1643

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65235.005

<400> 1643

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50

55

60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1644

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65234.005

<400> 1644

```

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaaggtg      60
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt ccgacaggcc      120
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctcctgtgc cacctcctac      180
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgtac      240
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc      300
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtcctct      360
ggtggcggag gctctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatcccagtc tgccctgacc      420
cagcctccct ccgtcaccgg cacacctggc cagcgcgtga ccatctcctg ctccggctcc      480
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtagcagc agctgcccgg caccgcccc      540
aaggtgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc      600
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtcoga ggaagaggcc      660
gactactact gtgccaccta cgacgagtcc atgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc      720
aagctgaccg tgctgtcc                                     738

```

<210> 1645

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65234.005

<400> 1645

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1646  
<211> 506  
<212> БЕЖОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65234.005 x I2C

<400> 1646

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr



485

490

495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1647  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65235.002

<400> 1647

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1648  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65235.002

<400> 1648

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1649  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65235.002

<400> 1649

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1650  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65235.002

<400> 1650

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn

1

5

10

<210> 1651  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65235.002

<400> 1651

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1652  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65235.002

<400> 1652

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1653  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65235.002

<400> 1653  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcac atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagagggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacst ggactattgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtcctct 360

<210> 1654  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65235.002

<400> 1654

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







<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65235.002

<400> 1658

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1659

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65235.002 x I2C

<400> 1659

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

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

180

185

190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Asp Ser Met Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala

435

440

445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1660  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65235.003

<400> 1660

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1661  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65235.003

<400> 1661

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1662  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65235.003

<400> 1662

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1663  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65235.003

<400> 1663

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1664  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65235.003

<400> 1664

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1665  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65235.003

<400> 1665

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1666  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65235.003

<400> 1666  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccsagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgttc 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgcccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtcctct 360

<210> 1667  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH CDH19 65235.003

<400> 1667

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1668  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 65235.003

<400> 1668

cagtctgccc tgaccagcc tccctccgtc accggcacac ctggccagcg cgtgaccatc 60  
tctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta ccagcagctg 120  
cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
tccgaggacg aggccgacta ctactgtgcc acctgggacg agtccatgca gggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1669  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65235.003

<400> 1669

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1670  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65235.003

<400> 1670

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc cacctgtgtc 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcbc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtcctct 360  
ggcggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatctcagtc tgccctgacc 420  
cagcctccct ccgtcaccgg cacacctggc cagcgcgtga ccatctcctg ctccggctcc 480



cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tgggtaccagc agctgcccgg caccgcccc 540  
 aaggtgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
 tccaagtctg gcacctccgc ctcctggcc atctccggcc tgcagtccga ggacgaggcc 660  
 gactactact gtgccacctg ggacgagtcc atgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
 aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1671  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 65235.003  
  
 <400> 1671

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1672

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65235.003 x I2C

<400> 1672

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Phe  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser

130

135

140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser

385                                    390                                    395                                    400  
 Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
    405                                    410                                    415  
 Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
    420                                    425                                    430  
 Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
    435                                    440                                    445  
 Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
    450                                    455                                    460  
 Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr  
    465                                    470                                    475                                    480  
 Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
    485                                    490                                    495  
 Leu Thr Val Leu His His His His His His  
    500                                    505

<210> 1673  
 <211> 5  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> CDR-H1 CDH19 65236.001

<400> 1673

Ser Tyr Ala Met Asn  
 1                                    5

<210> 1674  
 <211> 17  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> CDR-H2 CDH19 65236.001

<400> 1674

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
 1                                    5                                    10                                    15

Gly

<210> 1675

<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.001

<400> 1675

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1676  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.001

<400> 1676

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1677  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65236.001

<400> 1677

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1678  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65236.001

<400> 1678

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1679  
<211> 363  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.001

<400> 1679

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
 tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt cgcacagggc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
 gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
 ctgcagatga actccctgag agccgccgac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
 atgggcccgt actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
 agc 363

<210> 1680  
 <211> 121  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VH CDH19 65236.001  
 <400> 1680

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 1681  
 <211> 324  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VL CDH19 65236.001

<400> 1681  
gagatcgtga tgaccagtc ccccgtagacc ctgtccctga gcttgggcca gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120  
ggccaggccc ctccggtgct gatctacggc gcctttaccc gggccaccgg catccctgcc 180  
agagtgtctg gctccggctc cggcaccgag ttcaccctga ccatcagctc cctgcagtcc 240  
gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggagggc 300  
ggcaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1682  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VL CDH19 65236.001

<400> 1682  
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15  
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30  
Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95  
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1683  
<211> 732  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VH-VL CDH19 65236.001

<400> 1683  
caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcc a tgaactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgcccag accgcccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agcggaggcg gaggatctgg cggtggtggt tctggcggag gcggtccga gatcgtgatg 420  
accagtccc ccgtgaccct gtcctgagc ctgggcgaga gagccaccct gtcttgccgg 480  
gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
cggctgctga tctacggcgc ctttaccgg gccaccggca tccctgccag agtgtctggc 600  
tccggtccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tgcagtccga ggactttgcc 660  
gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaaggtg 720  
gaaatcaagt cc 732

<210> 1684

<211> 244

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.001

<400> 1684

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly



115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser

<210> 1685

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65236.001 x I2C

<400> 1685

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
 145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
 180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1686

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65236.007

<400> 1686

Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 1687

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65236.007

<400> 1687

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1688  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.007

<400> 1688

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1689  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.007

<400> 1689

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1690  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65236.007

<400> 1690

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1691  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65236.007

<400> 1691

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1692  
<211> 363  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.007

<400> 1692  
caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctgggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcctccgaca actccaagtc cacctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccctcgt gaccgtgtct 360  
agc 363

<210> 1693  
<211> 121  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.007

<400> 1693

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

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1694

<211> 324

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.007

<400> 1694

gagatcgtga tgaccagtc ccccgtagacc ctgtccctga gcctgggcca gagagccacc 60

ctgtcttgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120

ggccaggccc ctcggtgct gatctacggc gcctttacc gggccaccgg catccctgcc 180

agattctctg gtcctggctc cggcaccgag ttcaccctga ccatcagctc cctggagccc 240

gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggaggc 300

ggcaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1695

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.007

<400> 1695

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser

<210> 1696  
 <211> 732  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65236.007

<400> 1696  
 cagggtgcagc tgctggaatc cggcgggagga ctgggtgcagc ctggcgggctc cctgagactg 60  
 tcttgccgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
 gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcctccgaca actccaagtc caccctgtac 240  
 ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
 atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccctcgt gaccgtgtct 360  
 agcggaggcg gaggatctgg cggtggtggt tctggcggag gcggtccga gatcgtgatg 420  
 acccagtccc ccgtgaccct gtccctgagc ctgggcgaga gagccaccct gtcttgccgg 480  
 gctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
 cggctgctga tctacggcg ctttaccgg gccaccggca tcctgcccag attctctggc 600  
 tccggtccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tggagcccga ggactttgcc 660  
 gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaagggtg 720  
 gaaatcaagt cc 732

<210> 1697  
 <211> 244  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65236.007

<400> 1697

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ser Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser

<210> 1698

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65236.007 x I2C

<400> 1698

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275

280

285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His  
500

<210> 1699

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65236.009

<400> 1699

Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 1700  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65236.009

<400> 1700

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1701  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.009

<400> 1701

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1702  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.009

<400> 1702

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1703  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65236.009

<400> 1703

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1704  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65236.009

<400> 1704

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1705  
<211> 363  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.009

<400> 1705

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcc tgaactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc cacctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt actactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agc 363

<210> 1706  
<211> 121  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.009

<400> 1706

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Ser 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 Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1707

<211> 324

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.009

<400> 1707

gagatcgtga tgaccscagtc ccccgtgacc ctgtccctga gcctgggсga gagagccacc 60

ctgtcttgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120

ggccaggccc ctсggctgct gatctacggc gcctttaccс gggccaccgg catccctgcc 180

agagtgtctg gctccggctc cggcaccgag ttcaccctga ccatcagctc cctgcagctc 240

gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggaggc 300

ggcaccsaagg tggaaatcaa gtcc 324

<210> 1708

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.009

<400> 1708

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1709

<211> 732

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.009

<400> 1709

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcc tgaactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt actactgtgc taagggcggc 300  
atgggcccgt actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agcggaggcg gaggatctgg cggtggtggt tctggcggag gcggtccga gatcgtgatg 420  
accagtccc ccgtgaccct gtcctgagc ctgggcgaga gagccaccct gtcttgccgg 480  
gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
cggctgctga tctacggcg ctttaccgg gccaccggca tccctgccag agtgtctggc 600  
tccggctccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tgcagtccga ggactttgcc 660  
gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaaggtg 720  
gaaatcaagt cc 732

<210> 1710

<211> 244

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.009

<400> 1710

Gln Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly



<211> 504  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 65236.009 x I2C

<400> 1711

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Ser 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 Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220



Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1712  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65236.010

<400> 1712

Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 1713  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65236.010

<400> 1713

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1714  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.010

<400> 1714

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1715  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.010

<400> 1715

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1716  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65236.010

<400> 1716

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1717  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65236.010

<400> 1717

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1718  
<211> 363  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.010

<400> 1718

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agc 363

<210> 1719  
<211> 121  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.010

<400> 1719

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1720

<211> 324

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.010

<400> 1720

gagatcgtga tgaccagtc ccccgtagacc ctgtccctga gcctgggcca gagagccacc 60

ctgtcttgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120

ggccaggccc ctcggtgct gatctacggc gcctttacc cggccaccgg catccctgcc 180

agagtgtctg gtcctggctc cggcaccgag ttcaccctga ccatcagctc cctggagccc 240

gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggagggc 300

ggcaccaagg tggaaatcaa gtcc 324

<210> 1721

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.010

<400> 1721

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

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

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1722

<211> 732

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.010

<400> 1722

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggaggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agcggaggcg gaggatctgg cggtggtggt tctggcggag gcggtccga gatcgtgatg 420  
accagtccc ccgtgaccct gtccctgagc ctgggcgaga gagccacct gtcttgccgg 480  
gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
cggctgctga tctacggcgc ctttaccggc gccaccggca tccctgccag agtgtctggc 600  
tccggctccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tggagcccga ggactttgoc 660  
gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaagggtg 720

&lt;210&gt; 1723

&lt;211&gt; 244

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; VH-VL CDH19 65236.010

&lt;400&gt; 1723

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
 145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
 180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser

<210> 1724

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65236.010 x I2C

<400> 1724

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
 180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly



420

425

430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1725  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65236.011

<400> 1725

Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 1726  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65236.011

<400> 1726

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1727  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.011

<400> 1727

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1728  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.011

<400> 1728

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1729  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65236.011

<400> 1729

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1730  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65236.011

<400> 1730

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1731  
<211> 363  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65236.011

<400> 1731  
caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcc tgaactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgccaa cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc cacctgtac 240

ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcccgt actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agc 363

<210> 1732  
<211> 121  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VH CDH19 65236.011

<400> 1732

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1733  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VL CDH19 65236.011

<400> 1733

gagatcgtga tgaccsagtc ccccgtgacc ctgtccctga gcctgggcca gagagccacc 60  
ctgtcctgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120  
ggccaggccc ctcggtgct gatctacggc gcctttaccg gggccaccgg catccctgcc 180

agattctctg gctccggctc cggcaccgag ttcaccctga ccatcagctc cctggagccc 240  
gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggagggc 300  
ggcaccaagg tggaaatcaa gtcc 324

<210> 1734  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65236.011

<400> 1734

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1735  
<211> 732  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65236.011

<400> 1735

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcgccg 300

atgggcggt actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
 agcggaggcg gaggatctgg cggtggtggt tctggcggag gcggtccga gatcgtgatg 420  
 acccagtccc ccgtgaccct gtcctgagc ctgggcgaga gagccaccct gtcttgccgg 480  
 gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
 cggctgctga tctacggcgc ctttaccgg gccaccggca tccctgccag attctctggc 600  
 tccggtccg gcaccgagtt cacctgacc atcagctccc tggagcccga ggaatttggc 660  
 gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaaggtg 720  
 gaaatcaagt cc 732

<210> 1736  
 <211> 244  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65236.011

<400> 1736

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg



Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1738  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65236.012

<400> 1738

Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 1739  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65236.012

<400> 1739

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15



Gly

<210> 1740  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.012

<400> 1740

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1741  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.012

<400> 1741

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1742  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65236.012

<400> 1742

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1743  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65236.012

<400> 1743

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1744  
<211> 363  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65236.012

<400> 1744

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agc 363

<210> 1745

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65236.012

<400> 1745

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

<210> 1746

<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65236.012

<400> 1746  
gagatcgtga tgaccsagtc ccccgtagacc ctgtccctga gcctgggсga gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120  
ggccaggccc ctсggctgct gatctacggc gcctttaccс gggccaccgg catccctgcc 180  
agattctctg gctccggctc cggcaccgag ttcaccctga ccatcagctc cctggagccc 240  
gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggaggc 300  
ggaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1747  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65236.012

<400> 1747

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1748  
<211> 732  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.012

<400> 1748

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcaa cacctactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agcggaggcg gaggatctgg cgggtgtggt tctggcggag gcggctccga gatcgtgatg 420  
accagtccc ccgtgaccct gtccctgagc ctgggcgaga gagccaccct gtcttgccgg 480  
gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
cggctgctga tctacggcg ctttaccgg gccaccggca tcctgcccag attctctggc 600  
tccggctccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tggagcccga ggactttgcc 660  
gtgtactact gccagcagta caactactgg cccctgacct tcggaggcgg caccaagggtg 720  
gaaatcaagt cc 732

<210> 1749

<211> 244

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.012

<400> 1749

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser

<210> 1750

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65236.012 x I2C

<400> 1750

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

50

55

60

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
 145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
 180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr



<210> 1752  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65236.013

<400> 1752

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1753  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.013

<400> 1753

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1754  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.013

<400> 1754

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1755  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65236.013

<400> 1755

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1756  
<211> 9  
<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65236.013

<400> 1756

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1757

<211> 363

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65236.013

<400> 1757

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcc a tgaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcaa cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgccgac accgccgtgt actactgtgc taagggcggc 300  
atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agc 363

<210> 1758

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65236.013

<400> 1758

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1759  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65236.013

<400> 1759  
gagatcgtga tgaccsagtc ccccgtagacc ctgtccctga gcctgggcca gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120  
ggccaggccc ctgggctgct gatctacggc gcctttaccc gggccaccgg catccctgcc 180  
agagtgtctg gtcctggctc cggcaccgag ttcacctga ccatcagctc cctgcagtcc 240  
gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggaggc 300  
ggaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1760  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65236.013

<400> 1760

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn  
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val 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 Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1761

<211> 732

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.013

<400> 1761

cagggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgag agccgcccag accgcccgtgt actactgtgc taagggcggc 300  
atgggcccgt actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccaccgt gaccgtgtct 360  
agcggaggcg gaggatctgg cgggtggtgt tctggcggag gcggtctccga gatcgtgatg 420  
accagtccc ccgtgaccct gtcctgagc ctgggcgaga gagccaccct gtcttgccgg 480  
gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggccoct 540  
cggctgctga tctacggcgc ctttaccggc gccaccggca tccctgccag agtgtctggc 600  
tccggctccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tgcagtccga ggactttgcc 660  
gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaaggtg 720  
gaaatcaagt cc 732

<210> 1762

<211> 244

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.013

<400> 1762

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35

40

45

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

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser

<210> 1763

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65236.013 x I2C

<400> 1763

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

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1764  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65236.014

<400> 1764

Ser Tyr Ala Met Asn  
1 5

<210> 1765  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65236.014

<400> 1765

Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1766  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65236.014

<400> 1766

Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10

<210> 1767  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65236.014

<400> 1767

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala  
1 5 10

<210> 1768  
<211> 7  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65236.014

<400> 1768

Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1769

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65236.014

<400> 1769

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1770

<211> 363

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65236.014

<400> 1770

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctgggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180

gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240

ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcgccg 300

atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccctcgt gaccctgtct 360

agc 363

<210> 1771

<211> 121

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65236.014

<400> 1771

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1772

<211> 324

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.014

<400> 1772

gagatcgtga tgaccagtc ccccgtagacc ctgtccctga gcctgggcca gagagccacc 60

ctgtcttgcc gggcctcca gtccatctcc agcaacctgg cctgggtcca gcagaagccc 120

ggccaggccc ctcggtgct gatctacggc gcctttaccg gggccaccgg catccctgccc 180

agattctctg gtcctggctc cggcaccgag ttcaccctga ccatcagctc cctggagccc 240

gaggactttg ccgtgtacta ctgccagcag tacaactact ggcccctgac cttcggagggc 300

ggcaccsaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1773

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65236.014

<400> 1773

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn

20

25

30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Phe 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 Glu Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1774

<211> 732

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.014

<400> 1774

caggtgcagc tgctggaatc cggcggagga ctggtgcagc ctggcggctc cctgagactg 60

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgcca tgaactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccacc atcagcggcg gaggcgcca cacctactac 180

gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgcgaca actccaagtc caccctgtac 240

ctgcagatga actccctgag agccgaggac accgccgtgt accactgtgc taagggcggc 300

atgggcggct actactacgg catggatgtg tggggccagg gcaccctcgt gaccgtgtct 360

agcggaggcg gaggatctgg cggtggtggt tctggcggag gcggtctcga gatcgtgatg 420

accagtccc ccgtgaccct gtccctgagc ctgggcgaga gagccacct gtcttgccgg 480

gcctcccagt ccatctccag caacctggcc tggttccagc agaagcccgg ccaggcccct 540

cggctgctga tctacggcgc ctttaccgg gccaccggca tccctgccag attctctggc 600

tccggtccg gcaccgagtt caccctgacc atcagctccc tggagcccga ggactttgcc 660

gtgtactact gccagcagta caactactgg ccctgacct tcggaggcgg caccaaggtg 720

gaaatcaagt cc 732

<210> 1775

<211> 244

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65236.014

<400> 1775

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser

<210> 1776

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65236.014 x I2C

<400> 1776

Gln Val Gln Leu Leu 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 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ser Thr Ile Ser Gly Gly Gly Ala Asn Thr Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Lys Gly Gly Met Gly Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Val Thr Leu Ser Leu Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Asn Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Phe Thr Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195

200

205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Gln Gln Tyr Asn Tyr Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450

455

460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1777  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65237.001

<400> 1777

Arg Tyr Gly Ile His  
1 5

<210> 1778  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65237.001

<400> 1778

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1779  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65237.001

<400> 1779

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1780  
<211> 11  
<212> БЕЛОК



<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65237.001

<400> 1784

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1785  
<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65237.001

<400> 1785

tcttacgagc tgaccsagcc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 60  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaaa tacgtgagct ggtatcagca gaagcccggc 120  
cagtccccca tcttggatcat ctaccaggac aacaagtggc cctccggcat cctgagcgg 180  
ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 240  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 300  
accaagctga ccgtgctgtc c 321

<210> 1786



<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65237.001

<400> 1786

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1787  
<211> 741  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65237.001

<400> 1787

cagggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agatacggca tccactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctcaa caagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac tccgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
ggcatccccg gcaccaccgg ctactactac ggcattgatg tgtggggcca gggcaccacc 360  
gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcgggt gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcttacgagc tgaccagcc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctocatc 480  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaaa tacgtgagct ggtatcagca gaagcccggc 540

cagtccccca tcctgggtcat ctaccaggac aacaagtggc cctccggcat ccctgagcgg 600  
 ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660  
 gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720  
 accaagctga ccgtgctgtc c 741

<210> 1788  
 <211> 247  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65237.001

<400> 1788

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
 20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys

180

185

190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1789  
<211> 507  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 65237.001 x I2C

<400> 1789

Gln Val Gln Leu Val 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 Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1790

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65237b.001

<400> 1790

Arg Tyr Gly Ile His

1 5

<210> 1791

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65237b.001

<400> 1791

Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1792

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65237b.001

<400> 1792

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1793

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65237b.001

<400> 1793

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser  
1 5 10

<210> 1794

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65237b.001

<400> 1794

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1795

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65237b.001

<400> 1795

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 1796

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65237b.001

<400> 1796

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agatacggca tccactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc agggctccaa caagtactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac tccgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
ggcatccccg gcaccaccgg ctactactac ggcattgatg tgtggggcca gggcaccacc 360  
gtgaccgtgt ctagc 375

<210> 1797  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VH CDH19 65237b.001  
<400> 1797

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1798  
<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VL CDH19 65237b.001  
<400> 1798

tcttacgagc tgaccagcc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 60  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaaa tacgtgagct ggtatcagca gaagcccggc 120  
cagtccccca tcttggatcat ctaccaggac aacaagtggc cctccggcat ccctgagcgg 180  
ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 240  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gagtcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 300  
accaagctga ccgtgctgtc c 321

<210> 1799  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VL CDH19 65237b.001  
<400> 1799

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 1800  
<211> 741  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VH-VL CDH19 65237b.001  
<400> 1800

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgccgcg cctccggctt caccttctcc agatacggca tccactgggt ccgacaggcc 120



cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg agggctccaa caagtactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa cacccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac tccgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
ggcatccccg gcaccaccgg ctactactac ggcattggatg tgtggggcca gggcaccacc 360  
gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcttacgagc tgaccagacc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 480  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaaa tacgtgagct ggtatcagca gaagcccggc 540  
cagtccccca tcctggatcat ctaccaggac aacaagtggc cctccggcat ccctgagcgg 600  
ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gagtcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720  
accaagctga ccgtgctgtc c 741

<210> 1801  
<211> 247  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65237b.001

<400> 1801

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1802

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65237b.001 x I2C

<400> 1802

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
 180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340

345

350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1803

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65237.002

<400> 1803

Arg Tyr Gly Ile His

1 5

<210> 1804

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65237.002

<400> 1804

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1805

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65237.002

<400> 1805

Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 1806

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65237.002

<400> 1806

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser  
1 5 10

<210> 1807

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65237.002

<400> 1807

Gln Asp Asn Lys Trp Pro Ser  
1 5

<210> 1808

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65237.002

<400> 1808

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val

<210> 1809  
 <211> 375  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH CDH19 65237.002

<400> 1809  
 cagggtgcagc tgggtggaatc cggcgggaggc gtgggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
 tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agatacggca tccactgggt ccgacaggcc 120  
 cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
 gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac tccgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
 ggcatccccg gcaccaccgg ctactactac ggcatggatg tgtggggcca gggcaccacc 360  
 gtgaccgtgt ctagc 375

<210> 1810  
 <211> 125  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH CDH19 65237.002

<400> 1810

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
 20 25 30  
 Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 1811  
<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65237.002

<400> 1811  
tcttacgagc tgaccsagcc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 60  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaaa tacgtgagct ggtatcagca gaagcccggc 120  
cagtccccca tcctggatcat ctaccaggac aacaagtggc cctccggcat ccctgagcgg 180  
ttctccggct csaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 240  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 300  
accaagctga ccgtgctgtc c 321

<210> 1812  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65237.002

<400> 1812

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

<210> 1813  
<211> 741  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65237.002

<400> 1813  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgccgccg cctccggctt caccttctcc agatacggca tccactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac tccgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
ggcatccccg gcaccaccgg ctactactac ggcattggatg tgtggggcca gggcaccacc 360  
gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcgggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcttacgagc tgaccagacc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 480  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaaa tacgtgagct ggtatcagca gaagcccggc 540  
cagtccccca tcttggatcct ctaccaggac aacaagtggc cctccggcat cctgagcggc 600  
ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720  
accaagctga ccgtgctgtc c 741

<210> 1814  
<211> 247  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65237.002

<400> 1814

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Arg Tyr  
20 25 30  
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Trp 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





Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp 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 Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Thr Thr Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr Gln Asp Asn Lys  
 180 185 190

Trp Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1816

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65238.002

<400> 1816

Ser Ser Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1817

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65238.002

<400> 1817

Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1818

<211> 10

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65238.002

<400> 1818

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr  
1 5 10

<210> 1819

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65238.002

<400> 1819

Arg Ala Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1820

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65238.002

<400> 1820

Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1821

<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65238.002

<400> 1821

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr  
1 5

<210> 1822  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65238.002

<400> 1822  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac cctgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tcctccggct actactggtc ctggatccgg 120  
cagccccccg gcaagggcct ggaatggatc ggctacatct actacaccgg ctccgcctac 180  
tacaacccca gcctgaagtc cagagtgacc atctccgtgg acacctcaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgtcctccgt gaccgccgct gacaccgccg tgtactactg cgccagagat 300  
ggctccagcg gctggtactt ccagtactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1823  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65238.002

<400> 1823

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

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1824  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65238.002

<400> 1824  
gagatcgtgc tgaccsagtc ccccggcacc ctgtctctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgcc gggcctcccg gcagatctcc tccagctacc tggcttggtgta tcagcagaag 120  
cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggccttagct ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcacc tgaccatcag ccggctggaa 240  
cccgaggact tcgccgtgta ctattgccag cagtacggct cctccttcac cttcggccag 300  
ggcassaagg tggacatcaa gtcc 324

<210> 1825  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65238.002

<400> 1825

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1826  
<211> 729  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65238.002

<400> 1826  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac cctgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tctcctcggct actactggtc ctggatccgg 120  
cagccccccg gcaagggcct ggaatggatc ggctacatct actacaccgg ctccgcctac 180  
tacaacccca gcctgaagtc cagagtgacc atctccgtgg acacctcaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgtcctccgt gaccgcccgt gacaccgccg tgtactactg cgccagagat 300  
ggctccagcg gctgggtactt ccagtactgg ggcagggca cctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cgggtggttct ggcggcggag gctccgagat cgtgctgacc 420  
cagtcccccg gcaccctgtc tctgagccct ggcgagagag ccaccctgtc ctgccggggc 480  
tcccggcaga tctcctccag ctacctggct tggtatcagc agaagcccgg ccaggccoct 540  
cggctgctga tctacggccc tagctccaga gccaccggca tccctgaccg gttctccggc 600  
tctggctccg gcaccgactt caccctgacc atcagccggc tggaaccgga ggacttggcc 660  
gtgtactatt gccagcagta cggctcctcc ttcaccttcg gccagggcac caaggtggac 720  
atcaagtcc 729

<210> 1827  
<211> 243  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65238.002

<400> 1827

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35

40

45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
145 150 155 160

Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp  
225 230 235 240

Ile Lys Ser

<210> 1828

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65238.002 x I2C

<400> 1828



Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
 20 25 30  
 Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
 50 55 60  
 Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
 65 70 75 80  
 Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
 85 90 95  
 Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110  
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
 130 135 140  
 Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
 145 150 155 160  
 Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
 180 185 190  
 Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp  
 225 230 235 240  
 Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1829  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65238.004

<400> 1829

Ser Ser Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1830  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65238.004

<400> 1830

Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1831  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65238.004

<400> 1831

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr  
1 5 10

<210> 1832  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65238.004

<400> 1832

Arg Ala Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1833  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65238.004

<400> 1833

Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1834

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65238.004

<400> 1834

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr  
1 5

<210> 1835

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65238.004

<400> 1835

cagggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac cctgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tcctccggct actactggtc ctggatccgg 120  
cagccccccg gcaagggcct ggaatggatc ggctacatct actacaccgg ctccgcctac 180  
tacaaccssa gcctgaagtc cagagtgacc atctccgtgg acacctcaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgtcctccgt gaccgccgct gacaccgccg tgtactactg cgccagagat 300  
ggctccagcg gctggtactt ccagtactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1836

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65238.004

<400> 1836

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1837

<211> 324

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65238.004

<400> 1837

gagatcgtgc tgaccsagtc ccccggcacc ctgtctctga gccctggcga gagagccacc 60

ctgtcctgcc gggcctcccg gcagatctcc tccagctacc tggcttggtgta tcagcagaag 120

cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggccttagct ccagagccac cggcatcoct 180

gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ccggctggaa 240

cccgaggact tcgccgtgta ctattgccag cagtacggct cctccttcac cttcggcoct 300

ggcaccsaagg tggacatcaa gtcc 324

<210> 1838

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65238.004

<400> 1838

Glu Ile Val 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 Arg Gln Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe  
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1839

<211> 729

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65238.004

<400> 1839

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac cctgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tctccggct actactggtc ctggatccgg 120  
cagcccccg gcaagggcct ggaatggatc ggctacatct actacaccgg ctccgcctac 180  
tacaaccca gcctgaagtc cagagtgacc atctccgtgg acacctcaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgtcctccgt gaccgccgct gacaccgccg tgtactactg cgccagagat 300  
ggctccagcg gctggtactt ccagtactgg ggccagggca cctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cgggtggttct ggcggcggag gctccgagat cgtgctgacc 420  
cagtccccg gcaccctgtc tctgagccct ggcgagagag ccaccctgtc ctgccggggc 480  
tcccggcaga tctcctccag ctacctggct tggtatcagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
cggctgctga tctacggccc tagctccaga gccaccggca tccctgaccg gttctccggc 600  
tctggctccg gcaccgactt caccctgacc atcagccggc tggaaccgga ggacttgcgc 660  
gtgtactatt gccagcagta cggctcctcc ttcaccttcg gccctggcac caaggtggac 720  
atcaagtcc 729

<210> 1840

<211> 243

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65238.004

<400> 1840

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



<211> 503  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 65238.004 x I2C

<400> 1841

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser  
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Ser Ala Tyr Tyr Asn Pro Ser  
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Phe Gln Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
145 150 155 160

Ser Arg Gln Ile Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Pro Ser Ser Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220



Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp  
 225 230 235 240

Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
 260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
 275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
 290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
 305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
 325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
 340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
 355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
 370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
 405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
 420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
 435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
 450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
485 490 495

Leu His His His His His His  
500

<210> 1842  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65240.002

<400> 1842

Ser Tyr Asp Met His  
1 5

<210> 1843  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65240.002

<400> 1843

Val Ile Ser Tyr Asp Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1844  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65240.002

<400> 1844

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1845  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65240.002

<400> 1845

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1846  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65240.002

<400> 1846

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1847  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65240.002

<400> 1847

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 1848  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65240.002

<400> 1848  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg acggcaccaa cgagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcbc cagagagcgg 300  
tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tgggtgtccgt gtctagc 357

<210> 1849  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65240.002

<400> 1849

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 1850  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65240.002

<400> 1850  
gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtcctgtgctc aacacctacc tggcctggta tcagcagcgc 120  
cctggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatcct 180  
gaccggttct ccgctctgg ctctggcacc gacttcacc tgaccatctc cagcctggaa 240  
cccgaggatt tcgctgtgta ctattgccag cagtactcca actcctggac cttcggacag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1851  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65240.002

<400> 1851

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1852

<211> 726

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65240.002

<400> 1852

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg acggcaccaa cgagtactac 180  
gccgactccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcmc cagagagcgg 300  
tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tgggtgtccgt gtctagcggg 360  
ggcggaggat ctgggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcttg ccgggcctcc 480  
cagtcctgtg ccaacaccta cctggcctgg tatcagcagc gccctggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acgggcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccggtt ctccggctct 600  
ggctctggca ccgacttcac cctgaccatc tccagcctgg aacccgagga ttctgctgtg 660  
tactattgcc agcagtactc caactcctgg accttcggac agggcaccaa ggtggaaatc 720  
aagtcc 726

<210> 1853  
<211> 242  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65240.002

<400> 1853

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln

210

215

220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 1854

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65240.002 x I2C

<400> 1854

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp 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 Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
 340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
 385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
 405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
 420 425 430



Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 1855  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65240.003

<400> 1855

Ser Tyr Asp Met His  
1 5

<210> 1856  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65240.003

<400> 1856

Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1857  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65240.003

<400> 1857

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 1858  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65240.003

<400> 1858

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1859  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65240.003

<400> 1859

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1860  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65240.003

<400> 1860

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 1861  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65240.003

<400> 1861  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcaactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccctg atctcctacg agggcaccaa cgagtactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcgc cagagagcgg 300

tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tgggtgtccgt gtctagc

357

<210> 1862

<211> 119

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 65240.003

<400> 1862

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 1863

<211> 324

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65240.003

<400> 1863

Gly Ala Gly Ala Thr Cys Gly Thr Gly Cys Thr Gly Ala Cys Cys Cys  
1 5 10 15

Ala Gly Thr Cys Cys Cys Cys Thr Gly Gly Cys Ala Cys Cys Cys Thr  
20 25 30

Gly Thr Cys Cys Cys Thr Gly Ala Gly Cys Cys Cys Thr Gly Gly Cys

35

40

45

Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Cys Cys Ala Cys Cys Cys Thr Gly Thr  
50 55 60

Cys Thr Thr Gly Cys Cys Gly Gly Gly Cys Cys Thr Cys Cys Cys Ala  
65 70 75 80

Gly Thr Cys Cys Gly Thr Gly Thr Cys Cys Ala Ala Cys Ala Cys Cys  
85 90 95

Thr Ala Cys Cys Thr Gly Gly Cys Cys Thr Gly Gly Thr Ala Thr Cys  
100 105 110

Ala Gly Cys Ala Gly Cys Gly Cys Cys Cys Thr Gly Gly Cys Cys Ala  
115 120 125

Gly Gly Cys Cys Cys Cys Thr Cys Gly Gly Cys Thr Gly Cys Thr Gly  
130 135 140

Ala Thr Cys Thr Ala Cys Gly Gly Cys Gly Cys Cys Thr Cys Thr Thr  
145 150 155 160

Cys Cys Ala Gly Ala Gly Cys Cys Ala Cys Cys Gly Gly Cys Ala Thr  
165 170 175

Cys Cys Cys Thr Gly Ala Cys Cys Gly Gly Thr Thr Cys Thr Cys Cys  
180 185 190

Gly Gly Cys Thr Cys Thr Gly Gly Cys Thr Cys Thr Gly Gly Cys Ala  
195 200 205

Cys Cys Gly Ala Cys Thr Thr Cys Ala Cys Cys Cys Thr Gly Ala Cys  
210 215 220

Cys Ala Thr Cys Thr Cys Cys Ala Gly Cys Cys Thr Gly Gly Ala Ala  
225 230 235 240

Cys Cys Cys Gly Ala Gly Gly Ala Thr Thr Thr Cys Gly Cys Thr Gly  
245 250 255

Thr Gly Thr Ala Cys Thr Ala Thr Thr Gly Cys Cys Ala Gly Cys Ala  
260 265 270

Gly Thr Ala Cys Thr Cys Cys Ala Ala Cys Thr Cys Cys Thr Gly Gly  
275 280 285

Ala Cys Cys Thr Thr Cys Gly Gly Ala Cys Ala Gly Gly Gly Cys Ala

290

295

300

Cys Cys Ala Ala Gly Gly Thr Gly Gly Ala Ala Ala Thr Cys Ala Ala  
305 310 315 320

Gly Thr Cys Cys

<210> 1864

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65240.003

<400> 1864

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1865

<211> 726

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65240.003

<400> 1865

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60

tcttgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcaactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg agggcaccaa cgagtactac 180

gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcmc cagagagcgg 300  
 tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcacc cgggtgtccgt gtctagcggg 360  
 ggccgaggat ctgggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
 tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcttg ccgggcctcc 480  
 cagtccgtgt ccaacaccta cctggcctgg taccagcagc gccctggcca ggcccctcgg 540  
 ctgctgatct acgggcgctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
 ggctctggca ccgacttcac cctgaccatc tccagcctgg aacccgagga tttcgtctgtg 660  
 tactattgcc agcagtactc caactcctgg accttcggac agggcaccaa ggtggaaatc 720  
 aagtcc 726

<210> 1866  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65240.003

<400> 1866

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

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

130

135

140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 1867

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65240.003 x I2C

<400> 1867

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
 340 345 350



Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 1868

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65240.004

<400> 1868

Ser Tyr Asp Met His

1 5

<210> 1869

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65240.004

<400> 1869

Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1870  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65240.004

<400> 1870

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1871  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65240.004

<400> 1871

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1872  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65240.004

<400> 1872

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1873  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65240.004

<400> 1873

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 1874  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65240.004

<400> 1874  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60  
tcttgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg agggcaccaa cgagtactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcgc cagagagcgg 300  
tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tgggtgtccgt gtctagc 357

<210> 1875  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65240.004

<400> 1875

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30  
Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110  
Thr Leu Val Ser Val Ser Ser  
115

<210> 1876  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65240.004

<400> 1876  
gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtccgtgtcc aacacctacc tggcctggta tcagcagaag 120  
cctggccagg ccctcggt gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatcct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctctggcacc gacttcaccc tgaccatctc cagcctggaa 240  
cccgaggatt tcgctgtgta ctattgccag cagtactcca actcctggac cttcggacag 300  
ggcassaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1877  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65240.004

<400> 1877

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1878  
<211> 726  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65240.004

<400> 1878

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg agggcaccaa cgagtaactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcbc cagagagcgg 300  
tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tgggtgtccgt gtctagcggg 360  
ggcggaggat ctgggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcttg ccgggcctcc 480  
cagtcctgtg ccaacaccta cctggcctgg tatcagcaga agcctggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acggcgcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
ggctctggca ccgacttcac cctgaccatc tccagcctgg aacccgagga ttctgctgtg 660  
tactattgcc agcagtactc caactcctgg accttcggac agggcaccaa ggtggaaatc 720  
aagtcc 726

<210> 1879

<211> 242

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65240.004

<400> 1879

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30  
Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser

<210> 1880

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65240.004 x I2C

<400> 1880

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 1881

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65240.005

<400> 1881

Ser Tyr Asp Met His



1

5

<210> 1882  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65240.005

<400> 1882

Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Gly

<210> 1883  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65240.005

<400> 1883

Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1884  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65240.005

<400> 1884

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1885  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65240.005

<400> 1885

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1886

<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65240.005

<400> 1886

Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr  
1 5

<210> 1887  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65240.005

<400> 1887  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcaactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg agggcaccaa cgagtactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa cacctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcgc cagagagcgg 300  
tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tggtgaccgt gtctagc 357

<210> 1888  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65240.005

<400> 1888

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30  
Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 1889  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65240.005

<400> 1889  
gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcttgcc gggcctccca gtccgtgtcc aacacctacc tggcctggta tcagcagaag 120  
cctggccagg cccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctctggcacc gacttcacc tgaccatctc cagcctggaa 240  
cccgaggatt tcgctgtgta ctattgccag cagtactcca actcctggac cttcggacag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 1890  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65240.005

<400> 1890

Glu Ile Val 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 Asn Thr  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1891  
<211> 726  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65240.005

<400> 1891  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacgaca tgcactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atctcctacg agggcaccaa cgagtactac 180  
gccgagtccg tgaagggccg gttcaccatc tcccgggaca cctccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgcgc cagagagcgg 300  
tacttcgact ggtccttcga ctactggggc cagggcaccc tggtgaccgt gtctagcggg 360  
ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcttg ccgggcctcc 480  
cagtccgtgt ccaacaccta cctggcctgg tatcagcaga agcctggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acggcgcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
ggctctggca ccgacttcac cctgaccatc tccagcctgg aacccgagga tttcgctgtg 660  
tactattgcc agcagtactc caactcctgg accttcggac agggcaccaa ggtggaaatc 720  
aagtcc 726

<210> 1892  
<211> 242  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65240.005

<400> 1892

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35

40

45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Thr Asn Glu Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr 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 Arg Glu Arg Tyr Phe Asp Trp Ser Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Asn Thr Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Ser Asn Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 1893

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65240.005 x I2C

<400> 1893

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

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 1894  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65246.004

<400> 1894

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1895  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65246.004

<400> 1895

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1896  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65246.004

<400> 1896

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1897  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65246.004

<400> 1897

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1898  
<211> 7  
<212> БЕЛОК



<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65246.004

<400> 1898

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1899

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65246.004

<400> 1899

Ala Thr Trp Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1900

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65246.004

<400> 1900

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccsagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgtac 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1901

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65246.004

<400> 1901

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1902

<211> 333

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65246.004

<400> 1902

cagtctgccc tgaccagcc tccttctgcc accggcacc ctggccagcg cgtgaccatc 60

tctgctccg gctcctctc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta ccagcagctg 120

cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tccgaggacg aggccgacta ctactgtgcc acctgggacg agtcctgca gggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1903

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65246.004

<400> 1903

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1904

<211> 738

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65246.004

<400> 1904

caggatgcagc tggatgcagtc tggcgcgcaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctoctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgtac 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcaggac accgccgtgt actactgcbc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctgggtg cgggtggttct ggcggcggag gctctcagtc tgccctgacc 420  
cagcctcctt ctgccaccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctctctg ctccggctcc 480  
tcctccaaca tcggctcca cttcgtgaac tggtagcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aaggatgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccagacc gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcatccga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccacctg ggacgagtcc ctgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1905

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65246.004

<400> 1905

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser

&lt;210&gt; 1906

&lt;211&gt; 506

&lt;212&gt; БЕЛОК

&lt;213&gt; ИСКУССТВЕННАЯ

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; CDH19 65246.004 x I2C

&lt;400&gt; 1906

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1907  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65247.004

<400> 1907

Ser Tyr Phe Ile His  
1 5

<210> 1908  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65247.004

<400> 1908

Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1909  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65247.004

<400> 1909

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1910  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65247.004

<400> 1910

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1911  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65247.004

<400> 1911

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1912  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65247.004

<400> 1912

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1913  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65247.004

<400> 1913

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgcggggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctcctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgtac 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacst ggactattgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtcctct 360

<210> 1914  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная



<220>

<223> VH CDH19 65247.004

<400> 1914

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1915

<211> 333

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65247.004

<400> 1915

cagtctgccc tgaccagcc tccttccgct accggcacc ctggccagcg cgtgaccatc 60

tcctgctccg gtcctcctc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta ccagcagctg 120

cccggcaccg cccccaaggt gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tccgaggacg aggccgacta ctactgtgcc acctacgacg agtccatgca gggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1916

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65247.004

<400> 1916

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Thr Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1917

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65247.004

<400> 1917

caggTgcagc tggTgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgctc cgtgcgggtg 60  
tcctgcaagg tgtccggcta caccttcacc agctacttca tccactgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaacccta tctccgtgtc cacctctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgggaca cctccacctc caccgtgtac 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcbc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcacct ggactattgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtcctct 360  
ggTggcggag gatctggcgg aggtggaagc ggaggcggcg gatctcagtc tgccctgacc 420  
cagcctcctt ccgctaccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctctg ctccggctcc 480  
tcctccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggTaccagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aaggTgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagTccga ggaocgaggcc 660

gactactact gtgccaccta cgacgagtcc atgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1918  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65247.004

<400> 1918

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser

195

200

205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1919

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65247.004 x I2C

<400> 1919

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ile Ser Val Ser Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Val Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Thr Tyr Asp Glu Ser Met Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1920

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65249.002

<400> 1920

Gly Tyr Tyr Trp Ser  
1 5

<210> 1921

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65249.002

<400> 1921

Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 1922

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65249.002

<400> 1922

Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro

1 5 10

<210> 1923  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65249.002

<400> 1923

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 1924  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65249.002

<400> 1924

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 1925  
<211> 9  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65249.002

<400> 1925

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Leu Thr  
1 5

<210> 1926  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65249.002

<400> 1926  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc ggctactact ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatgtcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag agatggctcc 300

tccggctggt atcgttgggt cgacccttgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc

360

<210> 1927

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 65249.002

<400> 1927

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1928

<211> 327

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65249.002

<400> 1928

gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60

ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcttggtgta tcagcagaag 120

cccggccagg ccctcggct gctgatcttc ggcgcctctt ccagagccac cggcatcctt 180

gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatctc ccggctggaa 240

cccgaggact tcgctgtgta ctactgccag cagtacggca acagcccctt gaccttgggc 300



caaggcacca aggtggaaat caagtcc

327

<210> 1929

<211> 109

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65249.002

<400> 1929

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro  
85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 1930

<211> 732

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65249.002

<400> 1930

caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc ggctactact ggtcctggat ccggcagccc 120

cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactaca tcggctccac caactacaac 180

cccagcctga agtccagagt gaccatgtcc gtggacacct ccaagaacca gttctccctg 240

aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgccag agatggctcc 300

tccggctggg atcgttgggt cgacccttgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

ggaggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcggcggag gctccgagat cgtgctgacc 420

cagtcccctg gcaccctgtc cctgagccct ggcgagagag ccaccctgtc ctgcagagcc 480  
 tcccagtcctg tgtcctcctc ctacctggct tggatcagc agaagcccgg ccaggcccct 540  
 cggctgctga tcttcggcgc ctcttcaga gccaccggca tccttgaccg gttctccggc 600  
 tctggctccg gcaccgactt caccctgacc atctcccggc tggaaccgga ggacttcgct 660  
 gtgtactact gccagcagta cggcaacagc cccctgacct tcggccaagg caccaagggtg 720  
 gaaatcaagt cc 732

<210> 1931  
 <211> 244  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65249.002

<400> 1931

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
 20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
 130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
 145 150 155 160

Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
180 185 190

Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser

<210> 1932

<211> 504

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65249.002 x I2C

<400> 1932

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ile Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Gly Ser Ser Gly Trp Tyr Arg Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly  
 130 135 140

Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala  
 145 150 155 160

Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
 180 185 190

Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205

Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu His His His His His His  
500

<210> 1933  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65250.003

<400> 1933

Ser Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1934  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65250.003

<400> 1934

Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1935  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65250.003

<400> 1935

Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1936  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65250.003

<400> 1936

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1937  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65250.003

<400> 1937

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1938  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65250.003

<400> 1938

Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1939  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65250.003

<400> 1939  
 caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
 tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc agctactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
 ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccct ctggcggcga caccacctac 180  
 gccagaaat tccagggcag agtgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
 atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
 atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1940  
 <211> 120  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 65250.003

<400> 1940

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 1941  
 <211> 333  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 65250.003

<400> 1941  
 cagtcctgtgc tgaccagcc tccttccgcc tccggcacc ctggccagcg cgtgaccatc 60  
 tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120  
 cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
 gaccggttct ctggctccaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
 tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtacgacg actccctgaa cggctgggtg 300  
 ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1942  
 <211> 111  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 65250.003

<400> 1942

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
 20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu  
 85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
 100 105 110

<210> 1943  
 <211> 738  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65250.003

<400> 1943  
 caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60



tcctgcaagg cctccccggt caccttcacc agctactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
 ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccct ctggcgggga caccacctac 180  
 gcccagaaat tccagggcag agtgaccatg accggcgaca cctccacctc cacctgtgat 240  
 atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcmc cagaggcggc 300  
 atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctage 360  
 ggaggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcggcggag gctcccagtc cgtgtctgacc 420  
 cagcctcctt ccgctccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctctctg ctccggctcc 480  
 cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggatcagc agctgcccg caccgcccc 540  
 aagctgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccagacc gttctctggc 600  
 tccaagtctg gcacctcmc ctccctggc atctccggc tgcagtctga ggacgaggcc 660  
 gactactact gtgccgtgta cgacgactcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
 aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1944  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 65250.003  
  
 <400> 1944

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

115

120

125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1945  
<211> 506  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> CDH19 65250.003 x I2C

<400> 1945

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Tyr Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1946

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65250.004

<400> 1946

Ser Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1947

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65250.004

<400> 1947

Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1948  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65250.004

<400> 1948

Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1949  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65250.004

<400> 1949

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1950  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65250.004

<400> 1950

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1951  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65250.004

<400> 1951

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1952  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65250.004

<400> 1952  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc agctactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccctt ctggcggcga caccacctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1953  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65250.004

<400> 1953

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

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1954  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65250.004

<400> 1954  
cagtcctgtgc tgaccsagcc tccttccgcc tccggcacc ccaggccagcg cgtgaccatc 60  
tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120  
cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaacaacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
gaccggttct ctggctccaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtacgacg agtccttgc gggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1955  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65250.004

<400> 1955

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1956  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65250.004

<400> 1956  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc agctactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccctt ctggcggcga caccacctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcggcggag gctcccagtc cgtgctgacc 420  
cagcctcctt ccgcctccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctcctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccagacc gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccgtgta cgacgagtcc ctgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1957  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65250.004

<400> 1957

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr





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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1959

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65250.005

<400> 1959

Ser Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1960

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65250.005

<400> 1960

Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1961

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65250.005

<400> 1961

Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1962

<211> 13

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65250.005

<400> 1962

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1963

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65250.005

<400> 1963

Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser

1

5

<210> 1964  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65250.005

<400> 1964

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1965  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH CDH19 65250.005

<400> 1965

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcttgcaagg cctccgggta caccttcacc agctactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccctt ctggcggcga caccacctac 180  
gccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccttggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1966  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH CDH19 65250.005

<400> 1966

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1967

<211> 333

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65250.005

<400> 1967

cagtccgtgc tgaccsagcc tccttccgcc tccggcacc ctggccagcg cgtgaccatc 60  
tctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120  
cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaacaacc agcggccttc cggcgtgccc 180  
gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtacgacg agtccctgca gggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1968

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65250.005

<400> 1968

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1969  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65250.005

<400> 1969  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaaggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc agctactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atccaccctt ctggcggcga caccacctac 180  
gcccagaaat tccagggcag agtgaccatg acccgcgaca cctccacctc cacctgtgat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgcccgtg actactgcgc cagaggcggc 300  
atcaagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cgggtggttct ggcggcggag gctcccagtc cgtgctgacc 420  
cagcctcctt ccgcctccgg caccctggc cagcgcgtga ccatctctctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacaccaa caaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcaagtctga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccgtgta cgacgagtc ctgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1970  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65250.005

<400> 1970

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20

25

30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
 245

<210> 1971

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная



<220>

<223> CDH19 65250.005 x I2C

<400> 1971

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile His Pro Ser Gly Gly Asp Thr Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Lys Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

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

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1972  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65251.002

<400> 1972

Asn Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1973  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65251.002

<400> 1973

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1974  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65251.002

<400> 1974

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1975  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65251.002

<400> 1975

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1976  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65251.002

<400> 1976

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1977  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65251.002

<400> 1977

Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1978  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.002

<400> 1978  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccctt ctggcggcga ctccacctac 180  
gcccagaagt tccagggccg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1979  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.002

<400> 1979

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1980

<211> 333

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65251.002

<400> 1980

cagtctgtgc tgaccagcc cccttccgcc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60

tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120

cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgctctcc tggccatctc cggcctgcag 240

tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtgggacg agtcctgaa cggctggggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1981

<211> 111

<212> БЕЛЮК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65251.002

<400> 1981

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1982

<211> 738

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65251.002

<400> 1982

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca cctgggtcac cgtgtctage 360  
ggaggcggag gatctggtgg cgggtggttct ggcggcggag gctcccagtc tgtgctgacc 420  
cagccccctt ccgcctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctctctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggatatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacaccaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccgtgtg ggacgagtcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1983

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65251.002

<400> 1983

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1984  
<211> 506  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 65251.002 x I2C

<400> 1984

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190



Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
 405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
 420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
 435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1985  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65251.003

<400> 1985

Asn Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1986  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65251.003

<400> 1986

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 1987  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65251.003

<400> 1987

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 1988

<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65251.003

<400> 1988

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 1989  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65251.003

<400> 1989

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 1990  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65251.003

<400> 1990

Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 1991  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.003

<400> 1991  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcggcga ctccacctac 180  
gccsagaagt tccagggcsg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgsg gagcgaggac accgccgtgt actactgsgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360

<210> 1992

<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.003

<400> 1992

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1993  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65251.003

<400> 1993

cagtctgtgc tgaccsagcc cccttccgcc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60  
tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120  
cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtgggacg agtccctgca gggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 1994

<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65251.003

<400> 1994

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 1995  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65251.003

<400> 1995

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctcccggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcggcggag gctcccagtc tgtgctgacc 420  
cagccccctt ccgcctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctctg ctccggctcc 480  
cgggtccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtatcagc agctgcccgg caccgcccc 540

aagctgctga tctacaccaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
 tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggaacgagccc 660  
 gactactact gtgccgtgtg ggacgagtcc ctgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
 aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 1996  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65251.003

<400> 1996

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
 145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser

180

185

190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 1997

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65251.003 x I2C

<400> 1997

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
 145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400



Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 1998  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65251.004

<400> 1998

Asn Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 1999  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65251.004

<400> 1999

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 2000  
<211> 11  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65251.004

<400> 2000

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 2001

<211> 13

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65251.004

<400> 2001

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 2002

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65251.004

<400> 2002

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2003

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65251.004

<400> 2003

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 2004

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65251.004

<400> 2004

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg

tcctgcaagg cctccccggt caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc cacctgtgat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcmc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360

<210> 2005  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH CDH19 65251.004

<400> 2005

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 2006  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VL CDH19 65251.004

<400> 2006

cagtctgtgc tgaccagcc cccttcgccc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60

tcctgctccg gctccccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120  
 cccggcaccg cccccaaact gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
 gaccggttct ctggctccaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
 tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtacgacg agtccctgca gggctgggtg 300  
 ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 2007  
 <211> 111  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VL CDH19 65251.004

<400> 2007

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
 20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
 85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
 100 105 110

<210> 2008  
 <211> 738  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65251.004

<400> 2008

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgcscgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaaggtg 60  
 tcctgcaagg cctccccggtc caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
 ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccctc ctggcggcga ctccacctac 180

gccagaagt tccagggccg gctgaccatg accggcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
 atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgccc cagagggcggc 300  
 atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360  
 ggaggcggag gatctggtgg cgggtggttct ggcggcggag gctcccagtc tgtgctgacc 420  
 cagccccctt ccgcctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctcctg ctccggctcc 480  
 cggccaaca tcggctcca cttcgtgaac tggatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
 aagctgctga tctacaccaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccagacc gttctctggc 600  
 tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggacgaggcc 660  
 gactactact gtgccgtgta cgacgagtcc ctgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
 aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 2009  
 <211> 246  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65251.004

<400> 2009

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser

130

135

140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 2010

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65251.004 x I2C

<400> 2010

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Gly Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
 145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2011

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65251.005

<400> 2011

Asn Tyr Tyr Met Ser

1 5

<210> 2012

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65251.005

<400> 2012



Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 2013  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65251.005

<400> 2013

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 2014  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65251.005

<400> 2014

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 2015  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65251.005

<400> 2015

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2016  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65251.005

<400> 2016

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 2017  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.005

<400> 2017  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccctt ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccttggtcac cgtgtctagc 360

<210> 2018  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.005

<400> 2018

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

<210> 2019  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65251.005

<400> 2019  
cagtctgtgc tgaccagcc cccttcgcc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60  
tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120  
cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240  
tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtgggacg actccctgaa cggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 2020  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65251.005

<400> 2020

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 2021  
<211> 738  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65251.005

<400> 2021

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcgcgga ctccacctac 180  
gcccagaagt tccagggccg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgcccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctgggtg cgggtggttct ggcggcggag gctcccagtc tgtgctgacc 420  
cagccccctt cgcctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacacaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcaagtctga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccgtgtg ggacgactcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 2022

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65251.005

<400> 2022

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

85

90

95

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
 145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
 245

<210> 2023

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65251.005 x I2C

<400> 2023

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
 145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2024

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65251.006

<400> 2024

Asn Tyr Tyr Met Ser

1

5

<210> 2025  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65251.006

<400> 2025

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 2026  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65251.006

<400> 2026

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 2027  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65251.006

<400> 2027

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 2028  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65251.006

<400> 2028

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2029



<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65251.006

<400> 2029

Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu Asn Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 2030  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.006

<400> 2030  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccctt ctggcggcga ctccacctac 180  
gcccagaagt tccagggccg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc cacogtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 2031  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.006

<400> 2031

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

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 2032  
<211> 333  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65251.006

<400> 2032  
cagtctgtgc tgaccsagcc cccttccgcc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60  
tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120  
cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180  
gaccggttct ctggctccaa gtctggcacc tccgctctcc tggccatctc cggcctgcag 240  
tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtgggacg agtccttgaa cggctgggtg 300  
ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 2033  
<211> 111  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65251.006

<400> 2033

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 2034  
<211> 738  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65251.006

<400> 2034  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccctt ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg gccagggca ccttggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcggcggag gctcccagtc tgtgctgacc 420  
cagccccctt ccgcctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctcctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggtatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacaccaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccgtgtg ggacgagtcc ctgaacggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 2035  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65251.006

<400> 2035

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 2036

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65251.006 x I2C

<400> 2036

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
 145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2037  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65251.007

<400> 2037

Asn Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 2038  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65251.007

<400> 2038

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 2039  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65251.007

<400> 2039

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 2040  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65251.007

<400> 2040

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 2041  
<211> 7  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65251.007

<400> 2041

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2042

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65251.007

<400> 2042

Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 2043

<211> 360

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65251.007

<400> 2043

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt cgcacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggcsg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360

<210> 2044

<211> 120

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65251.007

<400> 2044

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30



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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 2045

<211> 333

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65251.007

<400> 2045

cagtctgtgc tgaccagcc cccttccgcc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60

tctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120

cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtgggacg agtcctgca gggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 2046

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65251.007

<400> 2046

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 2047

<211> 738

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65251.007

<400> 2047

caggatgcagc tggatgcagtc tggcgcgcaa gtgaagaaac ctggcgcctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcggaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctgggtg cgggtggttct ggcggcggag gctcccagtc tgtgctgacc 420  
cagccccctt ccgcctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctctctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacaccaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccagacc gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggacgaggcc 660  
gactactact gtgccgtgtg ggacgagtcc ctgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 2048

<211> 246

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65251.007

<400> 2048

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser

<210> 2049  
 <211> 506  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ  
  
 <220>  
 <223> CDH19 65251.007 x I2C  
  
 <400> 2049

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
 130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
 145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2050  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65251.008

<400> 2050

Asn Tyr Tyr Met Ser  
1 5

<210> 2051  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65251.008

<400> 2051

Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe Gln  
1 5 10 15

Gly

<210> 2052  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65251.008

<400> 2052

Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr  
1 5 10

<210> 2053  
<211> 13  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65251.008

<400> 2053

Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn  
1 5 10

<210> 2054  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65251.008

<400> 2054

Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2055  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65251.008

<400> 2055

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 2056  
<211> 360  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65251.008

<400> 2056  
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcctgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctgggtcac cgtgtctagc 360

<210> 2057  
<211> 120  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65251.008

<400> 2057

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 2058

<211> 333

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65251.008

<400> 2058

cagtctgtgc tgaccagcc cccttccgcc tctggcacc ctggccagaa agtgaccatc 60

tcctgctccg gctcccggtc caacatcggc tccaacttcg tgaactggta tcagcagctg 120

cccggcaccg cccccaagct gctgatctac accaactacc agcggccctc cggcgtgccc 180

gaccggttct ctggctcaa gtctggcacc tccgcctccc tggccatctc cggcctgcag 240

tctgaggacg aggccgacta ctactgtgcc gtgtacgacg agtccttgcg gggctgggtg 300

ttcggcggag gcaccaagct gaccgtgctg tcc 333

<210> 2059

<211> 111

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ



<220>

<223> VL CDH19 65251.008

<400> 2059

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
20 25 30

Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu  
85 90 95

Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 2060

<211> 738

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65251.008

<400> 2060

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60  
tcttgcaagg cctccgggta caccttcacc aactactaca tgtcctgggt ccgacaggcc 120  
ccaggccagg gcctggaatg gatgggcatc atcaaccct ctggcgggcga ctccacctac 180  
gccagaagt tccagggccg gctgaccatg acccgcgaca cctccacctc caccgtgtat 240  
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcmc cagaggcggc 300  
atccagctgt ggctgcactt cgactactgg ggccagggca ccctggtcac cgtgtctagc 360  
ggaggcggag gatctggtgg cggtggttct ggcgggcgag gctcccagtc tgtgctgacc 420  
cagccccctt ccgctctgg caccctggc cagaaagtga ccatctctg ctccggctcc 480  
cggccaaca tcggctcaa cttcgtgaac tggatcagc agctgcccgg caccgcccc 540  
aagctgctga tctacaccaa ctaccagcgg ccctccggcg tgcccgaccg gttctctggc 600  
tccaagtctg gcacctccgc ctccctggcc atctccggcc tgcagtctga ggaagaggcc 660

gactactact gtgccgtgta cgacgagtcc ctgcagggct ggggtgttcgg cggaggcacc 720  
aagctgaccg tgctgtcc 738

<210> 2061  
<211> 246  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65251.008

<400> 2061

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser

195

200

205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 2062

<211> 506

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65251.008 x I2C

<400> 2062

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

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

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asp Ser Thr Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Leu Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Ile Gln Leu Trp Leu His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser  
130 135 140

Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser  
145 150 155 160

Arg Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro  
 165 170 175

Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Thr Asn Tyr Gln Arg Pro Ser  
 180 185 190

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser  
 195 200 205

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Ala Val Tyr Asp Glu Ser Leu Gln Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val  
 245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser  
 260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val  
 275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser  
 290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg  
 305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met  
 325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His  
 340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln  
 355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser  
 385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser  
 405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys  
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala  
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala  
450 455 460

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
485 490 495

Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2063

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65252.005

<400> 2063

Ser Tyr Asp Met Asp

1 5

<210> 2064

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65252.005

<400> 2064

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg

1 5 10 15

Gly

<210> 2065

<211> 10

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65252.005

<400> 2065

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 2066

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65252.005

<400> 2066

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2067

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65252.005

<400> 2067

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2068

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65252.005

<400> 2068

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2069

<211> 357

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65252.005

<400> 2069

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60

tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt cgcacagacc 120

cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc acggctccaa caagtactac 180

gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa cacccctgttt 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcmc cagagagaca 300  
 ggcgagggtc ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc tggtcacctg gtctagc 357

<210> 2070  
 <211> 119  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH CDH19 65252.005

<400> 2070

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 2071  
 <211> 324  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 65252.005

<400> 2071

gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
 ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 120  
 cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatccct 180

gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ctcgctggaa 240  
 cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
 ggcaccaagg tggaaatcaa gtcc 324

<210> 2072  
 <211> 108  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VL CDH19 65252.005

<400> 2072

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
 100 105

<210> 2073  
 <211> 726  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65252.005

<400> 2073

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
 tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacagacc 120  
 cccggsaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc acggctcca caagtactac 180  
 gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcgc cagagagaca 300



ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc c ttggtcaccgt gtctagcggg 360  
 ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccacg 420  
 tcccctggca ccctgtcctt gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
 cagtccgtgt cctcctccta cctggcctgg tatcagcaga agcccggcca ggcccctcgg 540  
 ctgctgatct acgggcgctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggtt ctccggctct 600  
 ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgtctg aacccgagga cttecgctgtg 660  
 tactattgcc agcagtacgg ctctcctcgg accttcggcc agggcaccaa ggtggaaatc 720  
 aagtcc 726

<210> 2074  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65252.005

<400> 2074

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser



Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
 340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 2076  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65252.006

<400> 2076

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 2077  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65252.006

<400> 2077

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 2078  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65252.006

<400> 2078

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 2079  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65252.006

<400> 2079

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2080  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65252.006

<400> 2080

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2081  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65252.006

<400> 2081

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2082  
<211> 357  
<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65252.006

<400> 2082

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcbc cagagagaca 300  
ggcgagggtt ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc ttggtcacctg gtctagc 357

<210> 2083

<211> 119

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65252.006

<400> 2083

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

<210> 2084

<211> 324

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65252.006

<400> 2084

gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 120  
cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ctcgctggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 2085

<211> 108

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65252.006

<400> 2085

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 2086

<211> 726

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65252.006

<400> 2086  
 caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60  
 tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacaggcc 120  
 cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc acggctccaa caagtactac 180  
 gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcgc cagagagaca 300  
 ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc cttgtaccgt gtctagcgga 360  
 ggcggaggat ctgggtggcg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
 tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
 cagtccgtgt cctcctccta cctggcctgg tatcagcaga agcccggcca ggcccctcgg 540  
 ctgctgatct acgggcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
 ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgtgg aacccgagga cttcgtctgtg 660  
 tactattgcc agcagtacgg ctccctcctg accttcggcc agggcaccaa ggtggaaatc 720  
 aagtcc 726

<210> 2087  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ  
  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 65252.006

<400> 2087  
 Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Arg Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly



100

105

110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 2088

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65252.006 x I2C

<400> 2088

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 2089

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65252.007

<400> 2089

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 2090

<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65252.007

<400> 2090

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 2091  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65252.007

<400> 2091

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 2092  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65252.007

<400> 2092

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2093  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65252.007

<400> 2093

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2094  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65252.007

<400> 2094

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2095  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.007

<400> 2095  
caggtgcagc tggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt cgcacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcgc cagagagaca 300  
ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc caaggcacc cggtcaccgt gtctagc 357

<210> 2096  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.007

<400> 2096

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 2097  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.007

<400> 2097  
gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 120  
cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatcct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ctcgctggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 2098  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.007

<400> 2098

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 2099  
<211> 726  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65252.007

<400> 2099  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggct cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcmc cagagagaca 300  
ggcgagggct ggtacttcca cctgtggggc caaggcacc tggtcaccgt gtctagcggg 360  
ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccocag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
cagtccgtgt cctcctccta cctggcctgg tatcagcaga agcccggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acggcgcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgtctg aacccgagga cttcgctgtg 660  
tactattgcc agcagtacgg ctctcctctg accttcggcc agggcaccaa ggtggaaatc 720  
aagtcc 726

<210> 2100  
<211> 242  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65252.007

<400> 2100

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50

55

60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 2101

<211> 502

<212> БЕЛЮК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65252.007 x I2C

<400> 2101

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 2102  
<211> 5  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65252.008

<400> 2102

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 2103

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65252.008

<400> 2103

Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 2104

<211> 10

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65252.008

<400> 2104

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 2105

<211> 12

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65252.008

<400> 2105

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2106

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65252.008

<400> 2106

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2107

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65252.008

<400> 2107

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2108

<211> 357

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65252.008

<400> 2108

cagggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg agggctccaa caagtactac 180  
gccgagtccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcbc cagagagaca 300  
ggcgagggtc ggtacttcga cctgtggggc caaggcacc tggtcacctg gtctagc 357

<210> 2109

<211> 119

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65252.008

<400> 2109

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 2110  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.008

<400> 2110  
gagatcgtgc tgaccscagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagaag 120  
cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatcoct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ctccgtggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
ggcaccsaagg tggaaatcaa gtcc 324

<210> 2111  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.008

<400> 2111

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 2112

<211> 726

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65252.008

<400> 2112

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tctacgaca tggactgggt ccgacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg agggctccaa caagtactac 180  
gccgagtccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcgc cagagagaca 300  
ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc caaggcacc cgggtaccgt gtctagcgga 360  
ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
cagtccgtgt cctcctccta cctggcctgg tatcagcaga agcccggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acgggcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgtcgg aaccggagga cttcgctgtg 660  
tactattgcc agcagtacgg ctctcctcgg accttcggcc agggcaccaa ggtggaatc 720  
aagtcc 726

<210> 2113

<211> 242

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65252.008

<400> 2113

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly



<211> 502  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 65252.008 x I2C

<400> 2114

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220



Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
 340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
 385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
 405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
 420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
 435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
 450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
 465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 2115  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65252.009

<400> 2115

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 2116  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65252.009

<400> 2116

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 2117  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65252.009

<400> 2117

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 2118  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65252.009

<400> 2118

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2119  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65252.009

<400> 2119

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2120  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65252.009

<400> 2120

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2121  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.009

<400> 2121  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacagacc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctcca caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcbc cagagagaca 300  
ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc tggtcaccgt gtctagc 357

<210> 2122  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.009

<400> 2122

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 2123  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.009

<400> 2123  
gagatcgtgc tgaccagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgca gaggctccca gtcggtgtcc tctcctacc tggcctggta tcagcagagg 120  
cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatcct 180  
gaccggttct ccggtctgg ctccggcacc gacttcacc tgaccatcag ctcgctggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
ggcaccaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 2124  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.009

<400> 2124

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 2125

<211> 726

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH-VL CDH19 65252.009

<400> 2125

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt cgcacagacc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctcaa caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcmc cagagagaca 300  
ggcgagggt ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc ttggtcaccgt gtctagcggg 360  
ggcgaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
cagtcctgtg cctcctccta cctggcctgg tatcagcaga ggcccggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acgggcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccggtt ctccggctct 600  
ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgtcgg aacccgagga cttcgctcgtg 660  
tactattgcc agcagtagcg ctccctcctgg accttcggcc agggcaccaa ggtggaaatc 720  
aagtcc 726

<210> 2126  
<211> 242  
<212> БЕЛОК  
<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65252.009

<400> 2126

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln

210

215

220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 2127

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65252.009 x I2C

<400> 2127

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
 340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
 385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
 405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
 420 425 430



Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 2128  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65252.010

<400> 2128

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 2129  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65252.010

<400> 2129

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 2130  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65252.010

<400> 2130

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu

1 5 10

<210> 2131  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65252.010

<400> 2131

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2132  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65252.010

<400> 2132

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2133  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65252.010

<400> 2133

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2134  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.010

<400> 2134

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccctg atttggtagc acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcgc cagagagaca 300

ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc tggtcacctgt gtctagc

357

<210> 2135

<211> 119

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VH CDH19 65252.010

<400> 2135

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 2136

<211> 324

<212> ДНК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> VL CDH19 65252.010

<400> 2136

gagatcgtgc tgaccagtc cctggcacc ctgtcctga gccctggcga gagagccacc 60

ctgtcctgca ggcctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagagg 120

cccggccagg ccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatcctt 180

gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ctgctggaa 240

cccaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300

<210> 2137  
 <211> 108  
 <212> БЕЛОК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VL CDH19 65252.010

<400> 2137

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
 100 105

<210> 2138  
 <211> 726  
 <212> ДНК  
 <213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65252.010

<400> 2138

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
 tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt cgcacaggcc 120  
 cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg acggctccaa caagtactac 180  
 gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcbc cagagagaca 300  
 ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc agaggcacc cggtcaccgt gtctagcgga 360  
 ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420

tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
 cagtcctgtg cctcctccta cctggcctgg taccagcaga ggcccggcca ggcccctcgg 540  
 ctgctgatct acggcgcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccggtt ctccggctct 600  
 ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgcctg aacccgagga cttcgctgtg 660  
 tactattgcc agcagtacgg ctccctcctg accttcggcc agggcaccaa ggtggaaatc 720  
 aagtcc 726

<210> 2139  
 <211> 242  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65252.010

<400> 2139

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly

165

170

175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 2140

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65252.010 x I2C

<400> 2140

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
 340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 2141  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65252.011

<400> 2141

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 2142  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65252.011

<400> 2142

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly



<210> 2143  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VIWYDGSNKYYADSVRG

<400> 2143

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 2144  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65252.011

<400> 2144

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2145  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65252.011

<400> 2145

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2146  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65252.011

<400> 2146

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2147  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.011

<400> 2147  
 caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcgggtc cctgagactg 60  
 tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt cgcacaggcc 120  
 cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc acggctcca caagtactac 180  
 gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
 ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcgc cagagagaca 300  
 ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc caaggcacc tggtcacctg gtctagc 357

<210> 2148  
 <211> 119  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VH CDH19 65252.011

<400> 2148  
 Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Arg Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115

<210> 2149  
 <211> 324  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VL CDH19 65252.011

<400> 2149  
 gagatcgtgc tgaccagtc cctggcacc ctgtcctga gccctggcga gagagccacc 60  
 ctgtcctgca ggcctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagagg 120  
 cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatcctt 180  
 gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ctcgctggaa 240  
 cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
 ggcaccaagg tggaaatcaa gtcc 324

<210> 2150  
 <211> 108  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VL CDH19 65252.011

<400> 2150

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
 100 105

<210> 2151  
 <211> 726  
 <212> ДНК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65252.011

<400> 2151  
 caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60

tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt ccgacaggcc 120  
cccggaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc acggctccaa caagtactac 180  
gccgactccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcmc cagagagaca 300  
ggcgagggct ggtacttcga cctgtggggc caaggcacc ccggcaccgt gtctagcggg 360  
ggcgaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
cagtccgtgt cctcctccta cctggcctgg tatcagcaga ggcccggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acggcgcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgtctg aacccgagga ctctcgtctg 660  
tactattgcc agcagtacgg ctctcctcgg accttcggcc agggcaccaa ggtggaaatc 720  
aagtcc 726

<210> 2152  
<211> 242  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65252.011

<400> 2152

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
225 230 235 240

Lys Ser

<210> 2153

<211> 502

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65252.011 x I2C

<400> 2153

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
 290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
 305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
 325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His His  
500

<210> 2154

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65252.012

<400> 2154

Ser Tyr Asp Met Asp  
1 5

<210> 2155

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65252.012

<400> 2155

Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Arg  
1 5 10 15

Gly

<210> 2156  
<211> 10  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65252.012

<400> 2156

Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu  
1 5 10

<210> 2157  
<211> 12  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65252.012

<400> 2157

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala  
1 5 10

<210> 2158  
<211> 7  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L2 CDH19 65252.012

<400> 2158

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr  
1 5

<210> 2159  
<211> 8  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65252.012

<400> 2159



Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr  
1 5

<210> 2160  
<211> 357  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.012

<400> 2160  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccc cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt cgcacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtagc agggctccaa caagtactac 180  
gccgagtccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcbc cagagagaca 300  
ggcgagggtc ggtacttcga cctgtggggc caaggcacc tggtcaccgt gtctagc 357

<210> 2161  
<211> 119  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65252.012

<400> 2161

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

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 2162  
<211> 324  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.012

<400> 2162  
gagatcgtgc tgaccsagtc ccctggcacc ctgtccctga gccctggcga gagagccacc 60  
ctgtcctgca gaggctccca gtccgtgtcc tcctcctacc tggcctggta tcagcagagg 120  
cccggccagg cccctcggct gctgatctac ggcgcctctt ccagagccac cggcatccct 180  
gaccggttct ccggctctgg ctccggcacc gacttcaccc tgaccatcag ctcgctggaa 240  
cccgaggact tcgctgtgta ctattgccag cagtacggct cctcctggac cttcggccag 300  
ggcassaagg tggaatcaa gtcc 324

<210> 2163  
<211> 108  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65252.012

<400> 2163

Glu Ile Val 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 Ser Ser  
20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu  
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser  
100 105

<210> 2164  
<211> 726  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65252.012

<400> 2164  
caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgtgccg cctccggctt cagcttctcc tcctacgaca tggactgggt cgcacaggcc 120  
cccggcaagg gcctggaatg ggtggccgtg atttggtacg agggctccaa caagtactac 180  
gccgagtccg tgcggggcag attcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgttt 240  
ctgcagatga actccctgcg ggtggaagat accgccgtgt actactgcgc cagagagaca 300  
ggcggagggt ggtacttcga cctgtggggc caaggcacc tggtcaccgt gtctagcggg 360  
ggcggaggat ctggtggcgg tggttctggc ggcggaggct ccgagatcgt gctgaccag 420  
tcccctggca ccctgtccct gagccctggc gagagagcca ccctgtcctg cagagcctcc 480  
cagtccgtgt cctcctccta cctggcctgg tatcagcaga ggcccggcca ggcccctcgg 540  
ctgctgatct acgggcctc ttccagagcc accggcatcc ctgaccgggt ctccggctct 600  
ggctccggca ccgacttcac cctgaccatc agctcgtggt aaccggagga cttcgctgtg 660  
tactattgcc agcagtacgg ctctcctggt accttcggcc agggcaccaa ggtggaaatc 720  
aagtcc 726

<210> 2165  
<211> 242  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65252.012

<400> 2165

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Ser Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30  
Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60  
Arg Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe



Asp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Glu Thr Gly Glu Gly Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly  
 165 170 175

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly  
 180 185 190

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu  
 195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln  
 210 215 220

Gln Tyr Gly Ser Ser Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile  
 225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly  
 245 250 255

Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser  
 260 265 270

Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro  
 275 280 285

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn  
290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser  
305 310 315 320

Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys  
325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly  
340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
355 360 365

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser  
385 390 395 400

Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val  
405 410 415

Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala  
420 425 430

Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro  
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu  
450 455 460

Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp  
465 470 475 480

Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490 495

His His His His His  
500

<210> 2167

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65253.003

<400> 2167

Ser Tyr Ser Trp Ser  
1 5

<210> 2168

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65253.003

<400> 2168

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser  
1 5 10 15

<210> 2169

<211> 8

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65253.003

<400> 2169

Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr  
1 5

<210> 2170

<211> 14

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65253.003

<400> 2170

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His  
1 5 10

<210> 2171

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65253.003

<400> 2171

Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2172

<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L3 CDH19 65253.003

<400> 2172

Gln Ser Tyr Glu Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val  
1 5 10

<210> 2173  
<211> 348  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65253.003

<400> 2173  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tcctactctt ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc ctggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgcccg gaactgggcc 300  
ttccacttcg actactgggg ccagggcacc ctgggtcaccg tgtctagc 348

<210> 2174  
<211> 116  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65253.003

<400> 2174

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



Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
100 105 110

Thr Val Ser Ser  
115

<210> 2175

<211> 336

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65253.003

<400> 2175

cagtctgtgc tgaccsagcc tcctctgtg tctggcgccc ctggccagcg cgtgaccatt 60

tcctgcaccg gtcctccag caacatcggc accggctacg acgtgcactg gtatcagcag 120

ctgcccggca ccgccccaa gctgctgatc tacggcaact ccaaccggcc ctccggcgtg 180

cccgaccggt tctctggctc caagtctggc acctccgct ccttggtat caccggcctg 240

caggctgagg acgaggccga ctactactgc cagtcctacg agtcctcct gtccggctgg 300

gtgttcggcg gaggaccaa actgaccgtg ctgtcc 336

<210> 2176

<211> 112

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65253.003

<400> 2176

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Glu Ser Ser  
85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
100 105 110

<210> 2177  
<211> 729  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65253.003

<400> 2177  
caggtgcagc tgcaggaatc cggccctggc ctgggtcaagc cctccgagac actgtccctg 60  
acctgcaccg tgtccggcgg ctccatctcc tctactctt ggtcctggat ccggcagccc 120  
cctggcaagg gcctggaatg gatcggctac atctactact ccggctccac caactacaac 180  
cccagcctga agtccagagt gaccatctcc ctggacacct ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgtcct ccgtgaccgc cgctgacacc gccgtgtact actgcgcccg gaactgggoc 300  
ttccacttcg actactgggg ccagggcacc ctgggtcaccg tgtctagcgg aggcggagga 360  
tctgggtggc gtggttctgg cggcggaggc tcccagctctg tgctgacca gcctccctct 420  
gtgtctggcg ccctggcca gcgcgtgacc atttcctgca ccggctcctc cagcaacatc 480  
ggcaccggct acgacgtgca ctggtatcag cagctgcccg gcaccgcccc caagctgctg 540  
atctacggca actccaaccg gccctccggc gtgcccgacc ggttctctgg ctccaagtct 600  
ggcacctccg cctccctggc tatcaccggc ctgcaggctg aggacgaggc cgactactac 660  
tgccagtctc acgagtcctc cctgtccggc tgggtgttcg gcggaggcac caaactgacc 720  
gtgctgtcc 729

<210> 2178  
<211> 243  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65253.003

<400> 2178

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
20 25 30

Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35

40

45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95

Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110

Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
 130 135 140

Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160

Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
 165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
 180 185 190

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
 195 200 205

Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
 210 215 220

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

Val Leu Ser

<210> 2179

<211> 503

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 65253.003 x I2C

<400> 2179

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ser Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Asn Trp Ala Phe His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110  
 Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala  
 130 135 140  
 Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160  
 Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
 165 170 175  
 Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro  
 180 185 190  
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
 195 200 205  
 Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr  
 210 215 220  
 Glu Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 225 230 235 240  
 Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly  
 245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala  
 260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala  
 275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn  
 290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile  
 305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu  
 325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe  
 340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
 355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
 370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val  
 385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala  
 405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
 420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr  
 435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr  
 450 455 460

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

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val  
 485 490 495

Leu His His His His His His  
 500

<210> 2180  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65254.001

<400> 2180

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 2181  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65254.001

<400> 2181

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 2182  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65254.001

<400> 2182

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 2183  
<211> 11  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-L1 CDH19 65254.001

<400> 2183

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser  
1 5 10

<210> 2184  
<211> 7  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65254.001

<400> 2184

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2185

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65254.001

<400> 2185

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 2186

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65254.001

<400> 2186

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtgggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgcactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtacg acggctccaa caagtactac 180

gccgactccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga agtccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300

ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcattggacg tgtggggcca gggcaccacc 360

gtgaccgtgt ctacg 375

<210> 2187

<211> 125

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65254.001

<400> 2187

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 2188

<211> 321

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65254.001

<400> 2188

tcttacgagc tgaccagcc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 60

acctgttctg gcgaccggct gggcgagaag tacaccagtt ggtatcagca gcggcctggc 120

cagtcccccc tgctggtcat ctaccaggac accaagcggc cctccggcat ccctgagcgg 180

ttctccggct csaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 240

gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcgaggagc 300

accaagctga ccgtgctgtc c 321

<210> 2189

<211> 107

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VL CDH19 65254.001

<400> 2189

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

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



20

25

30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 2190

<211> 741

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65254.001

<400> 2190

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggccggtc cctgagactg 60

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgcaactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtacg acggtccaa caagtactac 180

gccgactccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga agtccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300

ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcatggacg tgtggggcca gggcaccacc 360

gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420

tcttacgagc tgaccagacc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 480

acctgttctg gcgaccggct gggcgagaag tacaccagtt ggtatcagca gcggcctggc 540

cagtcccccc tgctggatcat ctaccaggac accaagcggc cctccggcat ccctgagcgg 600

ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660

gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720

accaagctga ccgtgctgtc c 741

<210> 2191

<211> 247

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> VH-VL CDH19 65254.001

<400> 2191

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 2192

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65254.001 x I2C

<400> 2192

Gln Val Gln Leu Val 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

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

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

195

200

205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450

455

460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2193  
<211> 5  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H1 CDH19 65254.003

<400> 2193

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 2194  
<211> 17  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H2 CDH19 65254.003

<400> 2194

Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 2195  
<211> 16  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDR-H3 CDH19 65254.003

<400> 2195

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 2196  
<211> 11  
<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65254.003

<400> 2196

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser  
1 5 10

<210> 2197

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65254.003

<400> 2197

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2198

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65254.003

<400> 2198

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 2199

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65254.003

<400> 2199

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgcactgggt cgcacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtacg acggctccaa caagtactac 180

gccgactccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa cacctgtac 240

ctgcagatga agtcctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300

ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcattggacg tgtggggcca gggcaccacc 360

gtgaccgtgt ctagc 375

<210> 2200

<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH CDH19 65254.003

<400> 2200

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 2201  
<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65254.003

<400> 2201

tcttacgagc tgaccsagcc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 60  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaag tacaccagtt ggtatcagca gcggcctggc 120  
cagtcccccc tgctggtcat ctaccaggac accaagcggc cctccggcat cctgagcgg 180  
ttctccggt ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 240  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 300  
accaagctga ccgtgctgtc c 321

<210> 2202

<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65254.003

<400> 2202

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 2203  
<211> 741  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65254.003

<400> 2203

cagggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgcactgggt cgcacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtacg acggctcaa caagtactac 180  
gccgactccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga agtccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcatggacg tgtggggcca gggcaccacc 360  
gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcgggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
tcttacgagc tgaccagcc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctocatc 480  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaag tacaccagtt ggtatcagca gcggcctggc 540



cagtcccccc tgctgggtcat ctaccaggac accaagcggc cctccggcat ccctgagcgg 600  
 ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660  
 gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gactcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720  
 accaagctga ccgtgctgtc c 741

<210> 2204  
 <211> 247  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная  
 <220>  
 <223> VH-VL CDH19 65254.003  
 <400> 2204

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys

180

185

190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 2205

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65254.003 x I2C

<400> 2205

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2206

<211> 5

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H1 CDH19 65254.007

<400> 2206

Ser Tyr Gly Met His  
1 5

<210> 2207

<211> 17

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H2 CDH19 65254.007

<400> 2207

Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val Lys  
1 5 10 15

Asp

<210> 2208

<211> 16

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-H3 CDH19 65254.007

<400> 2208

Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
1 5 10 15

<210> 2209

<211> 11

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L1 CDH19 65254.007

<400> 2209

Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser  
1 5 10

<210> 2210

<211> 7

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L2 CDH19 65254.007

<400> 2210

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser  
1 5

<210> 2211

<211> 9

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDR-L3 CDH19 65254.007

<400> 2211

Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
1 5

<210> 2212

<211> 375

<212> ДНК

<213> искусственная

<220>

<223> VH CDH19 65254.007

<400> 2212

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg

tcttgcgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgcactgggt ccgacaggcc 120  
cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtagc agggctccaa caagtactac 180  
gccgagtccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa caccctgtac 240  
ctgcagatga attccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcattggacg tgtggggcca gggcaccacc 360  
gtgaccgtgt ctagc 375

<210> 2213  
<211> 125  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VH CDH19 65254.007  
<400> 2213

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120 125

<210> 2214  
<211> 321  
<212> ДНК  
<213> искусственная  
<220>  
<223> VL CDH19 65254.007  
<400> 2214

tcttacgagc tgaccagacc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 60  
acctgttctg gcgaccggct gggcgagaag tacaccagtt ggtatcagca ggggctggc 120  
cagtcccccc tgctggatcat ctaccaggac accaagcggc cctccggcat ccctgagcgg 180  
ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 240  
gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gagtcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 300  
accaagctga ccgtgctgtc c 321

<210> 2215  
<211> 107  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VL CDH19 65254.007

<400> 2215

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln  
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr  
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr  
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val  
85 90 95

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

<210> 2216  
<211> 741  
<212> ДНК  
<213> искусственная

<220>  
<223> VH-VL CDH19 65254.007

<400> 2216

caggtgcagc tgggtggaatc cggcggaggc gtggtgcagc ctggcggggtc cctgagactg 60  
tcttgccg cctccggctt caccttctcc agctacggca tgcactgggt ccgacaggcc 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtggccttc atttggtacg agggctccaa caagtactac 180  
 gccgagtccg tgaaggaccg gttcaccatc tcccgggaca actccaagaa cacccgtgac 240  
 ctgcagatga attccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cagaagggcc 300  
 ggcatcatcg gcaccatcgg ctactactac ggcatggacg tgtggggcca gggcaccacc 360  
 gtgaccgtgt ctagcggagg cggaggatct ggtggcggtg gttctggcgg cggaggctcc 420  
 tcttacgagc tgaccagacc cccctccgtg tccgtgtctc ctggccagac cgcctccatc 480  
 acctgttctg gcgaccggct gggcgagaag tacaccagtt ggtatcagca gcggcctggc 540  
 cagtcccccc tgctggtcat ctaccaggac accaagcggc cctccggcat ccctgagcgg 600  
 ttctccggct ccaactccgg caacaccgcc accctgacca tctccggcac ccaggccatg 660  
 gacgaggccg actactactg ccaggcctgg gagtcctcca ccgtggtggt cggcggaggc 720  
 accaagctga ccgtgctgtc c 741

<210> 2217  
 <211> 247  
 <212> БЕЛОК  
 <213> искусственная

<220>  
 <223> VH-VL CDH19 65254.007

<400> 2217

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
 50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125



Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser  
245

<210> 2218

<211> 507

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 65254.007 x I2C

<400> 2218

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 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 Phe Ile Trp Tyr Glu Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Glu Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340

345

350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His  
500 505

<210> 2219

<211> 549

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-LFcbY

<400> 2219

Gln Arg Phe Val Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Ala Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
 50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
 65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
 85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
 100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
 115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
 130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
 165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
 180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
 195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly  
 210 215 220

Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala  
 225 230 235 240

Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val  
 245 250 255

Val Phe Gly Cys Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly  
 260 265 270

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
 275 280 285

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys  
 290 295 300

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp  
305 310 315 320

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala  
325 330 335

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn  
340 345 350

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val  
355 360 365

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr  
370 375 380

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly  
385 390 395 400

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val  
405 410 415

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr  
420 425 430

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
435 440 445

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly  
450 455 460

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
465 470 475 480

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu  
485 490 495

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val  
500 505 510

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
515 520 525

Arg Phe Cys Thr Gly His Phe Gly Gly Leu His Pro Cys Asn Gly His  
530 535 540

His His His His His  
545

<210> 2220  
<211> 574  
<212> БЕЛОК  
<213> искусственная

<220>  
<223> CDH19 14302 CC x I2C-LFcBY-156

<400> 2220

Gln Arg Phe Val Thr Gly His Phe Gly Gly Leu Tyr Pro Ala Asn Gly  
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val  
20 25 30

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe  
35 40 45

Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys  
50 55 60

Cys Leu Glu Trp Val Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr  
65 70 75 80

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser  
85 90 95

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr  
100 105 110

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly  
115 120 125

Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val  
130 135 140

Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly  
165 170 175

Gln Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr  
180 185 190

Thr Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile  
195 200 205

Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly







Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Gly Cys Gly Gly Gly Gly Cys His His His His  
500 505 510

His His

<210> 2222

<211> 1100

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-HALB

<400> 2222

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50

55

60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
 100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp



565

570

575

Phe Gly Asp Lys Leu Cys Thr Val Ala Thr Leu Arg Glu Thr Tyr Gly  
 580 585 590

Glu Met Ala Asp Cys Cys Ala Lys Gln Glu Pro Glu Arg Asn Glu Cys  
 595 600 605

Phe Leu Gln His Lys Asp Asp Asn Pro Asn Leu Pro Arg Leu Val Arg  
 610 615 620

Pro Glu Val Asp Val Met Cys Thr Ala Phe His Asp Asn Glu Glu Thr  
 625 630 635 640

Phe Leu Lys Lys Tyr Leu Tyr Glu Ile Ala Arg Arg His Pro Tyr Phe  
 645 650 655

Tyr Ala Pro Glu Leu Leu Phe Phe Ala Lys Arg Tyr Lys Ala Ala Phe  
 660 665 670

Thr Glu Cys Cys Gln Ala Ala Asp Lys Ala Ala Cys Leu Leu Pro Lys  
 675 680 685

Leu Asp Glu Leu Arg Asp Glu Gly Lys Ala Ser Ser Ala Lys Gln Arg  
 690 695 700

Leu Lys Cys Ala Ser Leu Gln Lys Phe Gly Glu Arg Ala Phe Lys Ala  
 705 710 715 720

Trp Ala Val Ala Arg Leu Ser Gln Arg Phe Pro Lys Ala Glu Phe Ala  
 725 730 735

Glu Val Ser Lys Leu Val Thr Asp Leu Thr Lys Val His Thr Glu Cys  
 740 745 750

Cys His Gly Asp Leu Leu Glu Cys Ala Asp Asp Arg Ala Asp Leu Ala  
 755 760 765

Lys Tyr Ile Cys Glu Asn Gln Asp Ser Ile Ser Ser Lys Leu Lys Glu  
 770 775 780

Cys Cys Glu Lys Pro Leu Leu Glu Lys Ser His Cys Ile Ala Glu Val  
 785 790 795 800

Glu Asn Asp Glu Met Pro Ala Asp Leu Pro Ser Leu Ala Ala Asp Phe  
 805 810 815

Val Glu Ser Lys Asp Val Cys Lys Asn Tyr Ala Glu Ala Lys Asp Val

820

825

830

Phe Leu Gly Met Phe Leu Tyr Glu Tyr Ala Arg Arg His Pro Asp Tyr  
835 840 845

Ser Val Val Leu Leu Leu Arg Leu Ala Lys Thr Tyr Glu Thr Thr Leu  
850 855 860

Glu Lys Cys Cys Ala Ala Ala Asp Pro His Glu Cys Tyr Ala Lys Val  
865 870 875 880

Phe Asp Glu Phe Lys Pro Leu Val Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys  
885 890 895

Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn  
900 905 910

Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro  
915 920 925

Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys  
930 935 940

Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu  
945 950 955 960

Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val  
965 970 975

Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg  
980 985 990

Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu  
995 1000 1005

Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu  
1010 1015 1020

Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu  
1025 1030 1035

Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
1040 1045 1050

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala  
1055 1060 1065

Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val

1070

1075

1080

Ala Ala Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu Asp Tyr His His His His  
1085 1090 1095

His His  
1100

<210> 2223

<211> 717

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-GS-D3HSA

<400> 2223

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430



Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn  
 500 505 510

Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys  
 515 520 525

Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val  
 530 535 540

Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly  
 545 550 555 560

Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu  
 565 570 575

Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys  
 580 585 590

Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val  
 595 600 605

Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val  
 610 615 620

Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys  
 625 630 635 640

Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val  
 645 650 655

Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
 660 665 670

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp  
 675 680 685

Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala  
690 695 700

Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu His His His His His His  
705 710 715

<210> 2224

<211> 727

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-3GS-D3HSA

<400> 2224

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys

180

185

190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435

440

445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
 500 505 510

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys  
 515 520 525

Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu  
 530 535 540

Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val  
 545 550 555 560

Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys Cys Lys His  
 565 570 575

Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu Ser Val Val  
 580 585 590

Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val Ser Asp Arg  
 595 600 605

Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg Pro Cys Phe  
 610 615 620

Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu Phe Asn Ala  
 625 630 635 640

Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu Ser Glu Lys Glu  
 645 650 655

Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu Leu Val Lys His Lys  
 660 665 670

Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala Val Met Asp Asp Phe Ala  
 675 680 685

Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe

690

695

700

Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala Ser Gln Ala Ala Leu Gly  
705 710 715 720

Leu His His His His His His  
725

<210> 2225

<211> 742

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-GS-D3HSA-156

<400> 2225

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn  
 500 505 510

Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys  
 515 520 525

Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val  
 530 535 540

Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly  
 545 550 555 560

Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu  
 565 570 575

Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys  
 580 585 590

Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val  
 595 600 605

Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val  
 610 615 620

Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys  
 625 630 635 640

Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val  
 645 650 655

Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
 660 665 670

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp  
 675 680 685

Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala  
690 695 700

Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
705 710 715 720

Arg Asp Trp Asp Phe Asp Val Phe Gly Gly Gly Thr Pro Val Gly Gly  
725 730 735

His His His His His His  
740

<210> 2226

<211> 752

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-3GS-D3HSA-156

<400> 2226

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile





405

410

415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
 500 505 510

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys  
 515 520 525

Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu  
 530 535 540

Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val  
 545 550 555 560 565

Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys Cys Lys His  
 565 570 575

Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu Ser Val Val  
 580 585 590

Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val Ser Asp Arg  
 595 600 605

Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg Pro Cys Phe  
 610 615 620

Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu Phe Asn Ala  
 625 630 635 640

Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu Ser Glu Lys Glu  
 645 650 655

Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu Leu Val Lys His Lys

660

665

670

Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala Val Met Asp Asp Phe Ala  
675 680 685

Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe  
690 700

Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala Ser Gln Ala Ala Leu Gly  
705 710 715 720

Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Arg Asp Trp Asp Phe Asp  
725 730 735

Val Phe Gly Gly Gly Thr Pro Val Gly Gly His His His His His His  
740 745 750

<210> 2227

<211> 744

<212> БЕЛОК

<213> искусственная

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-GS-D3HSA-21

<400> 2227

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met  
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu  
 130 135 140

Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Ser Ile  
 145 150 155 160

Thr Cys Ser Gly Asp Arg Leu Gly Glu Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175

Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Leu Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys  
 180 185 190

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn  
 195 200 205

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Glu Ser Ser Thr Val Val Phe Gly Cys Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430 435

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn  
 500 505 510

Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys  
 515 520 525

Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val  
 530 535 540

Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly  
 545 550 555 560

Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu  
 565 570 575

Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys  
 580 585 590

Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val  
 595 600 605

Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val  
 610 615 620

Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys  
 625 630 635 640

Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val  
645 650 655

Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala  
660 665 670

Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp  
675 680 685

Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala  
690 695 700

Ser Gln Ala Ala Leu Gly Leu Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser  
705 710 715 720

Arg Leu Ile Glu Asp Ile Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu  
725 730 735

Asp Asp His His His His His His  
740

<210> 2228

<211> 754

<212> БЕЛОК

<213> ИСКУССТВЕННАЯ

<220>

<223> CDH19 14302 CC x I2C-3GS-D3HSA-21

<400> 2228

Gln Val Gln Leu Val Glu 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 Phe Ser Ser Tyr  
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Cys Leu Glu Trp Val  
35 40 45

Ala Phe Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Asp 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 Arg Arg Ala Gly Ile Ile Gly Thr Ile Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met



355

360

365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

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

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu Pro Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 500 505 510

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys  
 515 520 525

Glu Leu Phe Glu Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu  
 530 535 540

Val Arg Tyr Thr Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val  
 545 550 555 560

Glu Val Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys Cys Lys His  
 565 570 575

Pro Glu Ala Lys Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu Ser Val Val  
 580 585 590

Leu Asn Gln Leu Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val Ser Asp Arg  
 595 600 605

Val Thr Lys Cys Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg Pro Cys Phe



610

615

620

Ser Ala Leu Glu Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu Phe Asn Ala  
625 630 635 640

Glu Thr Phe Thr Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu Ser Glu Lys Glu  
645 650 655

Arg Gln Ile Lys Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu Leu Val Lys His Lys  
660 665 670

Pro Lys Ala Thr Lys Glu Gln Leu Lys Ala Val Met Asp Asp Phe Ala  
675 680 685

Ala Phe Val Glu Lys Cys Cys Lys Ala Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe  
690 695 700

Ala Glu Glu Gly Lys Lys Leu Val Ala Ala Ser Gln Ala Ala Leu Gly  
705 710 715 720

Leu Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Arg Leu Ile Glu Asp Ile  
725 730 735

Cys Leu Pro Arg Trp Gly Cys Leu Trp Glu Asp Asp His His His His  
740 745 750

His His

**ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ**

1. Выделенная конструкция полиспецифического антитела, содержащая первый связывающий домен человека, способный связываться с CDH19 человека на поверхности клетки-мишени, и второй домен, способный связываться с CD3 человека на поверхности Т-клетки.

2. Конструкция антитела по п.1, где первый связывающий домен содержит область VH, содержащую CDR-H1, CDR-H2 и CDR-H3, и область VL, содержащую CDR-L1, CDR-L2 и CDR-L3, выбранные из группы, состоящей из:

(a) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 54, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 222,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 84, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 252,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 84, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 927,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 82, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 83, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 909, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 250, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 251, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 927,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 54, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 926,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 52, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 53, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 904, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 926,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1126, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1127, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1128, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1129, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1130, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1131,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1165, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1166, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1167, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1168, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1169, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1170,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1334, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1335, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1336, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1337, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1338, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1339,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1347, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1348, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1349, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1350, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1351, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1352,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1360 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1361, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1362, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1363, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1364, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1365,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1425 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1426, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1427, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1428, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1429, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1430,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1438 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1439, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 1440, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1441, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1442, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1443, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2167 CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2168, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2169, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2170, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2171, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2172;

(b) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 124, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 125, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 126, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 292, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 293, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 294,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 132, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 300,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 136, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 137, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 138, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 304, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 305, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 306,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 142, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 143, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 144, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 310, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 311, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 312,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 148, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 149, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 150, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 316, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 317, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 318,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 166, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 167, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 168, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 334, CDR-L2,





CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 136, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 137, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 917, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 304, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 305, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 934,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 132, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 930,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 916, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 931,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 130, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 131, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 916, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 932,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1009, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1010, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1011, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1012, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1013, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1014,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1022, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1023, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1024, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1025, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1026, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1027,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1035, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1036, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1037, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1038, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1039, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1040,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1074, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 1075, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1076, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1077, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1078, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1079,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1100, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1101, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1102, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1103, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1104, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1105,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1113, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1114, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1115, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1116, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1117, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1118,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1243, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1244, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1245, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1246, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1247, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1248,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1256, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1257, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1258, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1259, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1260, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1261,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1269, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1270, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1271, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1272, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1273, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1274,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1282, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1283, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1284, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1285, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1286, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1287,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1295, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1296, CDR-H3, как представлено в SEQ



ID NO: 1297, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1298, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1299, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1300,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1647, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1648, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1649, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1650, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1651, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1652,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1660, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1661, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1662, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1663, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1664, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1665,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1894, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1895, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1896, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1897, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1898, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1899,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1907, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1908, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1909, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1910, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1911, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1912,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1933, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1934, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1935, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1936, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1937, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1938,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1946, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1947, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1948, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1949, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1950, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1951,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1959, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1960, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1961, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1962, CDR-

L2, как представлено в SEQ ID NO: 1963, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1964,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1972, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1973, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1974, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1975, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1976, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1977,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1985, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1986, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1987, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1988, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1989, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1990,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1998, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1999, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2000, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2001, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2002, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2003,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2011, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2012, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2013, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2014, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2015, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2016,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2024, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2025, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2026, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2027, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2028, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2029,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2037, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2038, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2039, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2040, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2041, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2042, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2050, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2051, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2052, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2053, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2054, и CDR-L3, как

представлено в SEQ ID NO: 2055;

(с) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 94, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 95, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 96, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 262, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 263, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 264,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 100, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 101, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 102, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 268, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 269, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 270,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 118, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 119, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 120, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 286, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 287, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 288,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 154, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 155, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 156, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 322, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 323, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 324,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 100, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 101, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 912, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 268, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 269, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 270,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 100, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 101, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 913, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 268, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 269, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 270,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 94, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 95, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 910, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 262, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 263, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 264,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 94, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 95, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 911, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 262, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 263, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 264,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 118, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 119, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 120, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 286, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 287, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 288,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 118, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 914, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 120, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 286, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 287, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 288,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 154, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 155, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 920, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 322, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 323, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 324,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 996, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 997, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 998, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 999, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1000, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1001,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1048, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1049, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1050, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1051, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1052, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1053,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1087, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1088, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1089, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1090, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1091, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1092,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1608, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 1609, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1610, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1611, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1612, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1613,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1621, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1622, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1623, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1624, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1625, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1626,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1634, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1635, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1636, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1637, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1638, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1639,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1673, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1674, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1675, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1676, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1677, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1678,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1686, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1687, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1688, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1689, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1690, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1691,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1699, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1700, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1701, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1702, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1703, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1704,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1712, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1713, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1714, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1715, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1716, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1717,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1725, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1726, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 1727, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1728, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1729, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1730,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1738, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1739, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1740, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1741, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1742, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1743,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1751, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1752, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1753, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1754, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1755, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1756,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1764, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1765, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1766, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1767, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1768, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1769, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1920, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1921, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1922, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1923, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1924, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1925;

(d) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 4, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 5, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 6, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 172, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 173, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 174,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 10, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 11, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 12, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 178, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 179, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 180,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 28, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 29, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 196, CDR-L2, как

представлено в SEQ ID NO: 197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 198,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 34, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 35, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 36, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 202, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 203, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 204,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 46, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 47, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 48, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 214, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 215, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 216,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 58, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 59, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 60, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 226, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 227, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 228,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 64, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 65, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 66, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 232, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 233, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 234,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 70, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 71, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 72, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 238, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 239, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 240,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 160, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 161, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 162, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 328, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 329, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 330,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 46, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 47, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 48, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 924, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 215, и CDR-L3, как представлено в SEQ







представлено в SEQ ID NO: 29, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 30, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 939, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 329, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 330,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 970, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 971, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 972, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 973, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 974, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 975,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1061, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1062, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1063, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1064, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1065, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1066,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1139, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1140, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1141, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1142, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1143, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1144,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1152, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1153, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1154, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1155, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1156, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1157,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1178, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1179, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1180, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1181, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1182, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1183,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1191, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1192, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1193, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1194, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1195, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1196,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1204, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1205, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 1206, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1207, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1208, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1209,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1217, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1218, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1219, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1220, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1221, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1222,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1230, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1231, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1232, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1233, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1234, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1235,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1308, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1309, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1310, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1311, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1312, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1313,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1321, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1322, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1323, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1324, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1325, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1326,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1373, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1374, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1375, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1376, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1377, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1378,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1386, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1387, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1388, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1389, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1390, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1391,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1399, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1400, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1401, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1402, CDR-

L2, как представлено в SEQ ID NO: 1403, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1404,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1412, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1413, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1414, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1415, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1416, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1417,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1777, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1778, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1779, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1780, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1781, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1782,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1790, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1791, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1792, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1793, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1794, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1795,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1803, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1804, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1805, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1806, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1807, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1808,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1816, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1817, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1818, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1819, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1820, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1821,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1829, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1830, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1831, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1832, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1833, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1834,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1842, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1843, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1844, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1845, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1846, и CDR-L3, как

представлено в SEQ ID NO: 1847,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1855, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1856, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1857, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1858, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1859, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1860,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1868, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1869, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1870, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1871, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1872, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1873,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1881, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1882, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1883, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1884, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1885, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1886,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2063, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2064, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2065, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2066, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2067, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2068,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2076, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2077, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2078, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2079, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2080, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2081,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2089, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2090, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2091, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2092, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2093, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2094,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2102, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2103, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2104, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2105, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2106, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2107,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2115, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2116, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2117, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2118, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2119, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2120,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2128, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2129, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2130, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2131, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2132, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2133,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2141, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2142, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2143, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2144, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2145, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2146,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2154, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2155, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2156, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2157, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2158, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2159,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2180, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2181, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2182, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2183, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2184, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2185,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2193, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2194, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2195, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2196, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2197, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2198, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 2206, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 2207, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 2208, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 2209, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 2210, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 2211; и

(e) CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 76, CDR-H2, как

представлено в SEQ ID NO: 77, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 78, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 244, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 245, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 246,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 88, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 89, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 90, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 256, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 257, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 258,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 106, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 107, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 108, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 274, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 275, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 276,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 112, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 113, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 114, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 280, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 281, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 282,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 106, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 107, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 108, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 274, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 275, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 276,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 983, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 984, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 985, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 986, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 987, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 988,

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1582, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1583, CDR-H3, как представлено в SEQ ID NO: 1584, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1585, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1586, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1587, и

CDR-H1, как представлено в SEQ ID NO: 1595, CDR-H2, как представлено в SEQ ID NO: 1596, CDR-H3, как представлено в SEQ

ID NO: 1597, CDR-L1, как представлено в SEQ ID NO: 1598, CDR-L2, как представлено в SEQ ID NO: 1599, и CDR-L3, как представлено в SEQ ID NO: 1600.

3. Конструкция антитела по п.1 или 2, где первый связывающий домен содержит область VH, выбранную из группы, состоящей из областей VH

(a) как представлено в SEQ ID NO: 362, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 485, SEQ ID NO: 486, SEQ ID NO: 487, SEQ ID NO: 492, SEQ ID NO: 493, SEQ ID NO: 494, SEQ ID NO: 495, SEQ ID NO: 1133, SEQ ID NO: 1172, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1354, SEQ ID NO: 1367, SEQ ID NO: 1432, SEQ ID NO: 1445 и SEQ ID NO: 2174;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 366, SEQ ID NO: 370, SEQ ID NO: 344, SEQ ID NO: 372, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 496, SEQ ID NO: 497, SEQ ID NO: 498, SEQ ID NO: 499, SEQ ID NO: 500, SEQ ID NO: 508, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 511, SEQ ID NO: 512, SEQ ID NO: 519, SEQ ID NO: 520, SEQ ID NO: 521, SEQ ID NO: 522, SEQ ID NO: 523, SEQ ID NO: 524, SEQ ID NO: 525, SEQ ID NO: 526, SEQ ID NO: 527, SEQ ID NO: 528, SEQ ID NO: 529, SEQ ID NO: 530, SEQ ID NO: 531, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 534, SEQ ID NO: 535, SEQ ID NO: 536, SEQ ID NO: 537, SEQ ID NO: 538, SEQ ID NO: 1016, SEQ ID NO: 1029, SEQ ID NO: 1042, SEQ ID NO: 1081, SEQ ID NO: 1107, SEQ ID NO: 1120, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1263, SEQ ID NO: 1276, SEQ ID NO: 1289, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1654, SEQ ID NO: 1667, SEQ ID NO: 1901, SEQ ID NO: 1914, SEQ ID NO: 1940, SEQ ID NO: 1953, SEQ ID NO: 1966, SEQ ID NO: 1979, SEQ ID NO: 1992, SEQ ID NO: 2005, SEQ ID NO: 2018, SEQ ID NO: 2031, SEQ ID NO: 2044 и SEQ ID NO: 2057;

(c) как представлено в SEQ ID NO: 338, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 378, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 476, SEQ ID NO: 477, SEQ ID NO: 478, SEQ ID NO: 479, SEQ ID NO: 480, SEQ ID NO: 481, SEQ ID NO: 482, SEQ ID NO: 483, SEQ ID NO: 484, SEQ ID NO: 501, SEQ ID NO: 502, SEQ ID NO: 503, SEQ ID NO: 504, SEQ ID NO: 505, SEQ ID NO: 506, SEQ ID NO: 517, SEQ ID NO: 518, SEQ ID NO: 1003, SEQ ID NO: 1055, SEQ ID NO: 1094, SEQ ID NO: 1615, SEQ ID NO: 1628, SEQ ID NO: 1641, SEQ ID NO: 1680, SEQ ID NO: 1693, SEQ ID



NO: 1706, SEQ ID NO: 1719, SEQ ID NO: 1732, SEQ ID NO: 1745, SEQ ID NO: 1758, SEQ ID NO: 1771 и SEQ ID NO: 1927;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 388, SEQ ID NO: 386, SEQ ID NO: 340, SEQ ID NO: 346, SEQ ID NO: 374, SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 390, SEQ ID NO: 463, SEQ ID NO: 464, SEQ ID NO: 465, SEQ ID NO: 466, SEQ ID NO: 467, SEQ ID NO: 468, SEQ ID NO: 469, SEQ ID NO: 470, SEQ ID NO: 471, SEQ ID NO: 472, SEQ ID NO: 473, SEQ ID NO: 474, SEQ ID NO: 475, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 490, SEQ ID NO: 491, SEQ ID NO: 513, SEQ ID NO: 514, SEQ ID NO: 515, SEQ ID NO: 516, SEQ ID NO: 540, SEQ ID NO: 541, SEQ ID NO: 542, SEQ ID NO: 543, SEQ ID NO: 977, SEQ ID NO: 1068, SEQ ID NO: 1146, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1198, SEQ ID NO: 1211, SEQ ID NO: 1224, SEQ ID NO: 1237, SEQ ID NO: 1315, SEQ ID NO: 1328, SEQ ID NO: 1380, SEQ ID NO: 1393, SEQ ID NO: 1406, SEQ ID NO: 1419, SEQ ID NO: 1469, SEQ ID NO: 1478, SEQ ID NO: 1485, SEQ ID NO: 1494, SEQ ID NO: 1501, SEQ ID NO: 1508, SEQ ID NO: 1519, SEQ ID NO: 1526, SEQ ID NO: 1533, SEQ ID NO: 1542, SEQ ID NO: 1549, SEQ ID NO: 1558, SEQ ID NO: 1565, SEQ ID NO: 1784, SEQ ID NO: 1797, SEQ ID NO: 1810, SEQ ID NO: 1823, SEQ ID NO: 1836, SEQ ID NO: 1849, SEQ ID NO: 1862, SEQ ID NO: 1875, SEQ ID NO: 1888, SEQ ID NO: 2070, SEQ ID NO: 2083, SEQ ID NO: 2096, SEQ ID NO: 2109, SEQ ID NO: 2122, SEQ ID NO: 2135, SEQ ID NO: 2148, SEQ ID NO: 2161, SEQ ID NO: 2187, SEQ ID NO: 2200 и SEQ ID NO: 2213; и

(e) как представлено в SEQ ID NO: 376, SEQ ID NO: 392, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 507, SEQ ID NO: 990, SEQ ID NO: 1589 и SEQ ID NO: 1602.

4. Конструкция антитела по любому из предшествующих п.п., где первый связывающий домен содержит область VL, выбранную из группы, состоящей из областей VL

(a) как представлено в SEQ ID NO: 418, SEQ ID NO: 420, SEQ ID NO: 580, SEQ ID NO: 581, SEQ ID NO: 582, SEQ ID NO: 587, SEQ ID NO: 588, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 590, SEQ ID NO: 1135, SEQ ID NO: 1174, SEQ ID NO: 1343, SEQ ID NO: 1356, SEQ ID NO: 1369, SEQ ID NO: 1434, SEQ ID NO: 1447 и SEQ ID NO: 2176;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 398, SEQ ID NO: 422, SEQ

ID NO: 426, SEQ ID NO: 400, SEQ ID NO: 428, SEQ ID NO: 424, SEQ ID NO: 591, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 594, SEQ ID NO: 595, SEQ ID NO: 603, SEQ ID NO: 604, SEQ ID NO: 605, SEQ ID NO: 606, SEQ ID NO: 607, SEQ ID NO: 614, SEQ ID NO: 615, SEQ ID NO: 616, SEQ ID NO: 617, SEQ ID NO: 618, SEQ ID NO: 619, SEQ ID NO: 620, SEQ ID NO: 621, SEQ ID NO: 622, SEQ ID NO: 623, SEQ ID NO: 624, SEQ ID NO: 625, SEQ ID NO: 626, SEQ ID NO: 627, SEQ ID NO: 628, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 631, SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 633, SEQ ID NO: 1018, SEQ ID NO: 1031, SEQ ID NO: 1044, SEQ ID NO: 1083, SEQ ID NO: 1109, SEQ ID NO: 1122, SEQ ID NO: 1252, SEQ ID NO: 1265, SEQ ID NO: 1278, SEQ ID NO: 1291, SEQ ID NO: 1304, SEQ ID NO: 1656, SEQ ID NO: 1669, SEQ ID NO: 1903, SEQ ID NO: 1916, SEQ ID NO: 1942, SEQ ID NO: 1955, SEQ ID NO: 1968, SEQ ID NO: 1981, SEQ ID NO: 1994, SEQ ID NO: 2007, SEQ ID NO: 2020, SEQ ID NO: 2033, SEQ ID NO: 2046 и SEQ ID NO: 2059;

(с) как представлено в SEQ ID NO: 394, SEQ ID NO: 410, SEQ ID NO: 434, SEQ ID NO: 412, SEQ ID NO: 571, SEQ ID NO: 572, SEQ ID NO: 573, SEQ ID NO: 574, SEQ ID NO: 575, SEQ ID NO: 576, SEQ ID NO: 577, SEQ ID NO: 578, SEQ ID NO: 579, SEQ ID NO: 596, SEQ ID NO: 597, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 599, SEQ ID NO: 600, SEQ ID NO: 601, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 1005, SEQ ID NO: 1057, SEQ ID NO: 1096, SEQ ID NO: 1617, SEQ ID NO: 1630, SEQ ID NO: 1643, SEQ ID NO: 1682, SEQ ID NO: 1695, SEQ ID NO: 1708, SEQ ID NO: 1721, SEQ ID NO: 1734, SEQ ID NO: 1747, SEQ ID NO: 1760, SEQ ID NO: 1773 и SEQ ID NO: 1929;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 408, SEQ ID NO: 416, SEQ ID NO: 444, SEQ ID NO: 442, SEQ ID NO: 396, SEQ ID NO: 402, SEQ ID NO: 430, SEQ ID NO: 404, SEQ ID NO: 446, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 559, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 561, SEQ ID NO: 562, SEQ ID NO: 563, SEQ ID NO: 564, SEQ ID NO: 565, SEQ ID NO: 566, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 568, SEQ ID NO: 569, SEQ ID NO: 570, SEQ ID NO: 583, SEQ ID NO: 584, SEQ ID NO: 585, SEQ ID NO: 586, SEQ ID NO: 608, SEQ ID NO: 609, SEQ ID NO: 610, SEQ ID NO: 611, SEQ ID NO: 635, SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 637, SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 979, SEQ ID NO: 1070, SEQ ID NO: 1148, SEQ ID NO: 1161,

SEQ ID NO: 1187, SEQ ID NO: 1200, SEQ ID NO: 1213, SEQ ID NO: 1226, SEQ ID NO: 1239, SEQ ID NO: 1317, SEQ ID NO: 1330, SEQ ID NO: 1382, SEQ ID NO: 1395, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1421, SEQ ID NO: 1471, SEQ ID NO: 1480, SEQ ID NO: 1487, SEQ ID NO: 1496, SEQ ID NO: 1503, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1521, SEQ ID NO: 1528, SEQ ID NO: 1535, SEQ ID NO: 1544, SEQ ID NO: 1551, SEQ ID NO: 1560, SEQ ID NO: 1567, SEQ ID NO: 1786, SEQ ID NO: 1799, SEQ ID NO: 1812, SEQ ID NO: 1825, SEQ ID NO: 1838, SEQ ID NO: 1851, SEQ ID NO: 1864, SEQ ID NO: 1877, SEQ ID NO: 1890, SEQ ID NO: 2072, SEQ ID NO: 2085, SEQ ID NO: 2098, SEQ ID NO: 2111, SEQ ID NO: 2124, SEQ ID NO: 2137, SEQ ID NO: 2150, SEQ ID NO: 2163, SEQ ID NO: 2189, SEQ ID NO: 2202 и SEQ ID NO: 2215; и

(е) как представлено в SEQ ID NO: 432, SEQ ID NO: 448, SEQ ID NO: 414, SEQ ID NO: 406, SEQ ID NO: 602, SEQ ID NO: 992, SEQ ID NO: 1591 и SEQ ID NO: 1604.

5. Конструкция антитела по любому из предшествующих п.п., где первый связывающий домен содержит область VH и область VL, выбранные из группы, состоящей из:

(1) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 362+418, SEQ ID NO: 364+420, SEQ ID NO: 485+580, SEQ ID NO: 486+581, SEQ ID NO: 487+582, SEQ ID NO: 492+587, SEQ ID NO: 493+588, SEQ ID NO: 494+589, SEQ ID NO: 495+590, SEQ ID NO: 1133+1135, SEQ ID NO: 1172+1174, SEQ ID NO: 1341+1343, SEQ ID NO: 1354+1356, SEQ ID NO: 1367+1369, SEQ ID NO: 1432+1434, SEQ ID NO: 1445+1447 и SEQ ID NO: 2174+2176;

(2) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 342+398, SEQ ID NO: 366+422, SEQ ID NO: 370+426, SEQ ID NO: 344+400, SEQ ID NO: 372+428, SEQ ID NO: 368+424, SEQ ID NO: 496+591, SEQ ID NO: 497+592, SEQ ID NO: 498+593, SEQ ID NO: 499+594, SEQ ID NO: 500+595, SEQ ID NO: 508+603, SEQ ID NO: 509+604, SEQ ID NO: 510+605, SEQ ID NO: 511+606, SEQ ID NO: 512+607, SEQ ID NO: 519+614, SEQ ID NO: 520+615, SEQ ID NO: 521+616, SEQ ID NO: 522+617, SEQ ID NO: 523+618, SEQ ID NO: 524+619, SEQ ID NO: 525+620, SEQ ID NO: 526+621, SEQ ID NO: 527+622, SEQ ID NO: 528+623, SEQ ID NO: 529+624, SEQ ID NO: 530+625, SEQ ID NO: 531+626, SEQ ID NO: 532+627, SEQ ID NO:

533+628, SEQ ID NO: 534+629, SEQ ID NO: 535+630, SEQ ID NO: 536+631, SEQ ID NO: 537+632, SEQ ID NO: 538+633, SEQ ID NO: 1016+1018, SEQ ID NO: 1029+1031, SEQ ID NO: 1042+1044, SEQ ID NO: 1081+1083, SEQ ID NO: 1107+1109, SEQ ID NO: 1120+1122, SEQ ID NO: 1250+1252, SEQ ID NO: 1263+1265, SEQ ID NO: 1276+1278, SEQ ID NO: 1289+1291, SEQ ID NO: 1302+1304, SEQ ID NO: 1654+1656, SEQ ID NO: 1667+1669, SEQ ID NO: 1901+1903, SEQ ID NO: 1914+1916, SEQ ID NO: 1940+1942, SEQ ID NO: 1953+1955, SEQ ID NO: 1966+1968, SEQ ID NO: 1979+1981, SEQ ID NO: 1992+1994, SEQ ID NO: 2005+2007, SEQ ID NO: 2018+2020, SEQ ID NO: 2031+2033, SEQ ID NO: 2044+2046 и SEQ ID NO: 2057+2059;

(3) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 338+394, SEQ ID NO: 354+410, SEQ ID NO: 378+434, SEQ ID NO: 356+412, SEQ ID NO: 476+571, SEQ ID NO: 477+572, SEQ ID NO: 478+573, SEQ ID NO: 479+574, SEQ ID NO: 480+575, SEQ ID NO: 481+576, SEQ ID NO: 482+577, SEQ ID NO: 483+578, SEQ ID NO: 484+579, SEQ ID NO: 501+596, SEQ ID NO: 502+597, SEQ ID NO: 503+598, SEQ ID NO: 504+599, SEQ ID NO: 505+600, SEQ ID NO: 506+601, SEQ ID NO: 517+612, SEQ ID NO: 518+613, SEQ ID NO: 1003+1005, SEQ ID NO: 1055+1057, SEQ ID NO: 1094+1096, SEQ ID NO: 1615+1617, SEQ ID NO: 1628+1630, SEQ ID NO: 1641+1643, SEQ ID NO: 1680+1682, SEQ ID NO: 1693+1695, SEQ ID NO: 1706+1708, SEQ ID NO: 1719+1721, SEQ ID NO: 1732+1734, SEQ ID NO: 1745+1747, SEQ ID NO: 1758+1760, SEQ ID NO: 1771+1773 и SEQ ID NO: 1927+1929;

(4) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 352+408, SEQ ID NO: 360+416, SEQ ID NO: 388+444, SEQ ID NO: 386+442, SEQ ID NO: 340+396, SEQ ID NO: 346+402, SEQ ID NO: 374+430, SEQ ID NO: 348+404, SEQ ID NO: 390+446, SEQ ID NO: 463+558, SEQ ID NO: 464+559, SEQ ID NO: 465+560, SEQ ID NO: 466+561, SEQ ID NO: 467+562, SEQ ID NO: 468+563, SEQ ID NO: 469+564, SEQ ID NO: 470+565, SEQ ID NO: 471+566, SEQ ID NO: 472+567, SEQ ID NO: 473+568, SEQ ID NO: 474+569, SEQ ID NO: 475+570, SEQ ID NO: 488+583, SEQ ID NO: 489+584, SEQ ID NO: 490+585, SEQ ID NO: 491+586, SEQ ID NO: 513+608, SEQ ID NO: 514+609, SEQ ID NO: 515+610, SEQ ID NO: 516+611, SEQ ID NO:

540+635, SEQ ID NO: 541+636, SEQ ID NO: 542+637, SEQ ID NO: 543+638, SEQ ID NO: 977+979, SEQ ID NO: 1068+1070, SEQ ID NO: 1146+1148, SEQ ID NO: 1159+1161, SEQ ID NO: 1185+1187, SEQ ID NO: 1198+1200, SEQ ID NO: 1211+1213, SEQ ID NO: 1224+1226, SEQ ID NO: 1237+1239, SEQ ID NO: 1315+1317, SEQ ID NO: 1328+1330, SEQ ID NO: 1380+1382 SEQ ID NO: 1393+1395, SEQ ID NO: 1406+1408, SEQ ID NO: 1419+1421, SEQ ID NO: 1469+1471, SEQ ID NO: 1478+1480, SEQ ID NO: 1485+1487, SEQ ID NO: 1494+1496, SEQ ID NO: 1501+1503, SEQ ID NO: 1508+1510, SEQ ID NO: 1519+1521, SEQ ID NO: 1526+1528, SEQ ID NO: 1533+1535, SEQ ID NO: 1542+1544, SEQ ID NO: 1549+1551, SEQ ID NO: 1558+1560, SEQ ID NO: 1565+1567, SEQ ID NO: 1784+1786, SEQ ID NO: 1797+1799, SEQ ID NO: 1810+1812, SEQ ID NO: 1823+1825, SEQ ID NO: 1836+1838, SEQ ID NO: 1849+1851, SEQ ID NO: 1862+1864, SEQ ID NO: 1875+1877, SEQ ID NO: 1888+1890, SEQ ID NO: 2070+2072, SEQ ID NO: 2083+2085, SEQ ID NO: 2096+2098, SEQ ID NO: 2109+2111, SEQ ID NO: 2122+2124, SEQ ID NO: 2135+2137, SEQ ID NO: 2148+2150, SEQ ID NO: 2161+2163, SEQ ID NO: 2187+2189, SEQ ID NO: 2200+2202 и SEQ ID NO: 2213+2215; и

(5) пар области VH и области VL, как представлено в SEQ ID NO: 376+432, SEQ ID NO: 392+448, SEQ ID NO: 358+414, SEQ ID NO: 350+406, SEQ ID NO: 507+602, SEQ ID NO: 990+992, SEQ ID NO: 1589+1591 и SEQ ID NO: 1602+1604.

6. Конструкция антитела по любому из предшествующих пунктов, где конструкция антитела имеет формат, выбранный из группы, состоящей из (scFv)<sub>2</sub>, (однодоменное mAb)<sub>2</sub>, scFv-однодоменное mAb, диантител и их олигомеров.

7. Конструкция антитела по п.6, где первый связывающий домен содержит аминокислотную последовательность, выбранную из группы, состоящей из

(a) как представлено в SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 1137, SEQ ID NO: 1176, SEQ ID NO: 1345, SEQ ID NO: 1358, SEQ ID NO: 1371, SEQ ID NO: 1436, SEQ ID NO: 1449 и SEQ ID NO: 2178;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 1020, SEQ ID NO: 1033, SEQ ID NO: 1046, SEQ ID NO: 1085, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1124, SEQ ID NO: 1254, SEQ ID NO: 1267, SEQ ID NO: 1280, SEQ ID

NO: 1293, SEQ ID NO: 1306, SEQ ID NO: 1658, SEQ ID NO: 1671, SEQ ID NO: 1905, SEQ ID NO: 1918, SEQ ID NO: 1944, SEQ ID NO: 1957, SEQ ID NO: 1970, SEQ ID NO: 1983, SEQ ID NO: 1996, SEQ ID NO: 2009, SEQ ID NO: 2022, SEQ ID NO: 2035, SEQ ID NO: 2048 и SEQ ID NO: 2061;

(c) как представлено в SEQ ID NO: 1007, SEQ ID NO: 1059, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1619, SEQ ID NO: 1632, SEQ ID NO: 1645, SEQ ID NO: 1684, SEQ ID NO: 1697, SEQ ID NO: 1710, SEQ ID NO: 1723, SEQ ID NO: 1736, SEQ ID NO: 1749, SEQ ID NO: 1762, SEQ ID NO: 1775 и SEQ ID NO: 1931;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1072, SEQ ID NO: 1150, SEQ ID NO: 1163, SEQ ID NO: 1189, SEQ ID NO: 1202, SEQ ID NO: 1215, SEQ ID NO: 1228, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1319, SEQ ID NO: 1332, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1397, SEQ ID NO: 1410, SEQ ID NO: 1423, SEQ ID NO: 1473, SEQ ID NO: 1482, SEQ ID NO: 1489, SEQ ID NO: 1498, SEQ ID NO: 1505, SEQ ID NO: 1512, SEQ ID NO: 1523, SEQ ID NO: 1530, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1546, SEQ ID NO: 1553, SEQ ID NO: 1562, SEQ ID NO: 1569, SEQ ID NO: 1788, SEQ ID NO: 1801, SEQ ID NO: 1814, SEQ ID NO: 1827, SEQ ID NO: 1840, SEQ ID NO: 1853, SEQ ID NO: 1866, SEQ ID NO: 1879, SEQ ID NO: 1892, SEQ ID NO: 2074, SEQ ID NO: 2087, SEQ ID NO: 2100, SEQ ID NO: 2113, SEQ ID NO: 2126, SEQ ID NO: 2139, SEQ ID NO: 2152, SEQ ID NO: 2165, SEQ ID NO: 2191, SEQ ID NO: 2204 и SEQ ID NO: 2217; и

(e) как представлено в SEQ ID NO: 994, SEQ ID NO: 1593 и SEQ ID NO: 1606.

8. Конструкция антитела по любому из предшествующих пунктов, где второй связывающий домен способен связываться с CD3-эпсилон человека и *Callithrix jacchus*, *Saguinus Oedipus* или *Saimiri sciureus*.

9. Конструкция антитела по п.8, имеющая аминокислотную последовательность, выбранную из группы, состоящей из

(a) как представлено в SEQ ID NO: 1138, SEQ ID NO: 1177, SEQ ID NO: 1346, SEQ ID NO: 1359, SEQ ID NO: 1372, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1450 и SEQ ID NO: 2179;

(b) как представлено в SEQ ID NO: 1021, SEQ ID NO: 1034,

SEQ ID NO: 1047, SEQ ID NO: 1086, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1125, SEQ ID NO: 1255, SEQ ID NO: 1268, SEQ ID NO: 1281, SEQ ID NO: 1294, SEQ ID NO: 1307, SEQ ID NO: 1659, SEQ ID NO: 1672, SEQ ID NO: 1906, SEQ ID NO: 1919, SEQ ID NO: 1945, SEQ ID NO: 1958, SEQ ID NO: 1971, SEQ ID NO: 1984, SEQ ID NO: 1997, SEQ ID NO: 2010, SEQ ID NO: 2023, SEQ ID NO: 2036, SEQ ID NO: 2049 и SEQ ID NO: 2062;

(с) как представлено в SEQ ID NO: 1008, SEQ ID NO: 1060, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1620, SEQ ID NO: 1633, SEQ ID NO: 1646, SEQ ID NO: 1685, SEQ ID NO: 1698, SEQ ID NO: 1711, SEQ ID NO: 1724, SEQ ID NO: 1737, SEQ ID NO: 1750, SEQ ID NO: 1763, SEQ ID NO: 1776 и SEQ ID NO: 1932;

(d) как представлено в SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1073, SEQ ID NO: 1151, SEQ ID NO: 1164, SEQ ID NO: 1190, SEQ ID NO: 1203, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1229, SEQ ID NO: 1242, SEQ ID NO: 1320, SEQ ID NO: 1333, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1398, SEQ ID NO: 1411, SEQ ID NO: 1424, SEQ ID NO: 1474, SEQ ID NO: 1475, SEQ ID NO: 1476, SEQ ID NO: 1483, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1492, SEQ ID NO: 1499, SEQ ID NO: 1506, SEQ ID NO: 1513, SEQ ID NO: 1514, SEQ ID NO: 1515, SEQ ID NO: 1516, SEQ ID NO: 1517, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1531, SEQ ID NO: 1538, SEQ ID NO: 1539, SEQ ID NO: 1540, SEQ ID NO: 1547, SEQ ID NO: 1554, SEQ ID NO: 1555, SEQ ID NO: 1556, SEQ ID NO: 1563, SEQ ID NO: 1570, SEQ ID NO: 1571, SEQ ID NO: 1572, SEQ ID NO: 1573, SEQ ID NO: 1574, SEQ ID NO: 1575, SEQ ID NO: 1576, SEQ ID NO: 1577, SEQ ID NO: 1578, SEQ ID NO: 1579, SEQ ID NO: 1580, SEQ ID NO: 1581, SEQ ID NO: 1789, SEQ ID NO: 1802, SEQ ID NO: 1815, SEQ ID NO: 1828, SEQ ID NO: 1841, SEQ ID NO: 1854, SEQ ID NO: 1867, SEQ ID NO: 1880, SEQ ID NO: 1893, SEQ ID NO: 2075, SEQ ID NO: 2088, SEQ ID NO: 2101, SEQ ID NO: 2114, SEQ ID NO: 2127, SEQ ID NO: 2140, SEQ ID NO: 2153, SEQ ID NO: 2166, SEQ ID NO: 2192, SEQ ID NO: 2205 и SEQ ID NO: 2218-2228; и

(е) как представлено в SEQ ID NO: 995, SEQ ID NO: 1594 и SEQ ID NO: 1607.

10. Последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующая конструкцию антитела по любому из п.п.1-9.

11. Вектор, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты по п.10.

12. Клетка-хозяин, трансформированная или трансфицированная последовательностью нуклеиновой кислоты по п.10 или вектором по п.11.

13. Способ получения конструкции антитела по любому из п.п.1-9, причем указанный способ включает культивирование клетки-хозяина по п.12 в условиях, позволяющих экспрессию конструкции антител по любому из п.п.1-9, и выделение продуцированной конструкции антитела из культуры.

14. Фармацевтическая композиция, содержащая конструкцию антитела по любому из п.п.1-9 или конструкцию антитела, продуцированную способом по п.13.

15. Конструкция антитела по любому из п.п.1-9 или конструкция антитела, продуцированная способом по п.13, для применения для предупреждения, лечения или смягчения меланомы или метастазирующей меланомы.

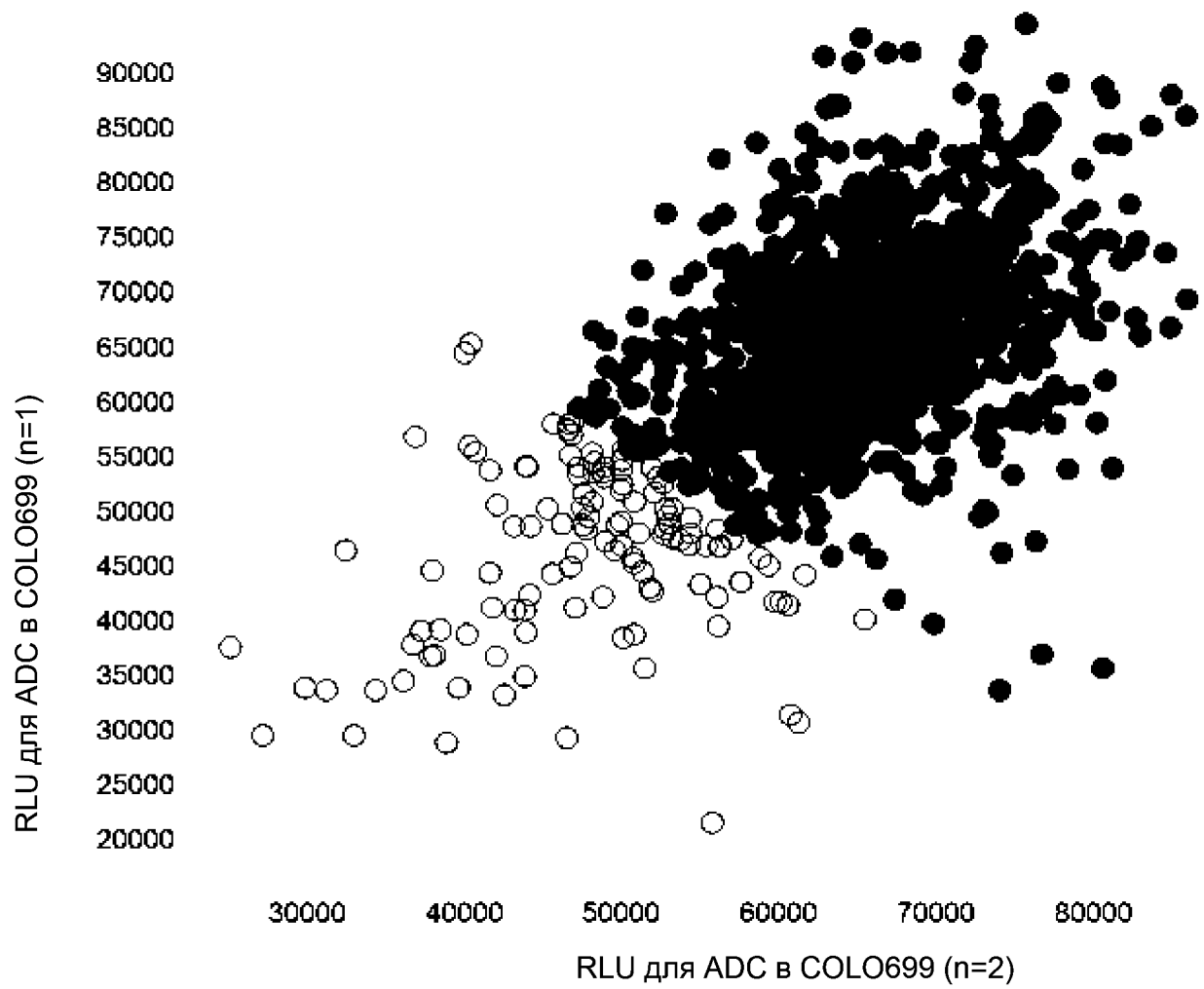
16. Способ лечения или смягчения меланомы или метастазирующей меланомы, включающий стадию введения индивидууму, нуждающемуся в этом, конструкции антитела по любому из п.п.1-9, или конструкции антитела, продуцированной способом по п.13.

17. Способ по п.16, где меланома или метастазирующая меланома выбрана из группы, состоящей из поверхностно распространяющейся меланомы, злокачественного лентиго, меланомы типа злокачественного лентиго, акральной лентигинозной меланомы и узловой меланомы.

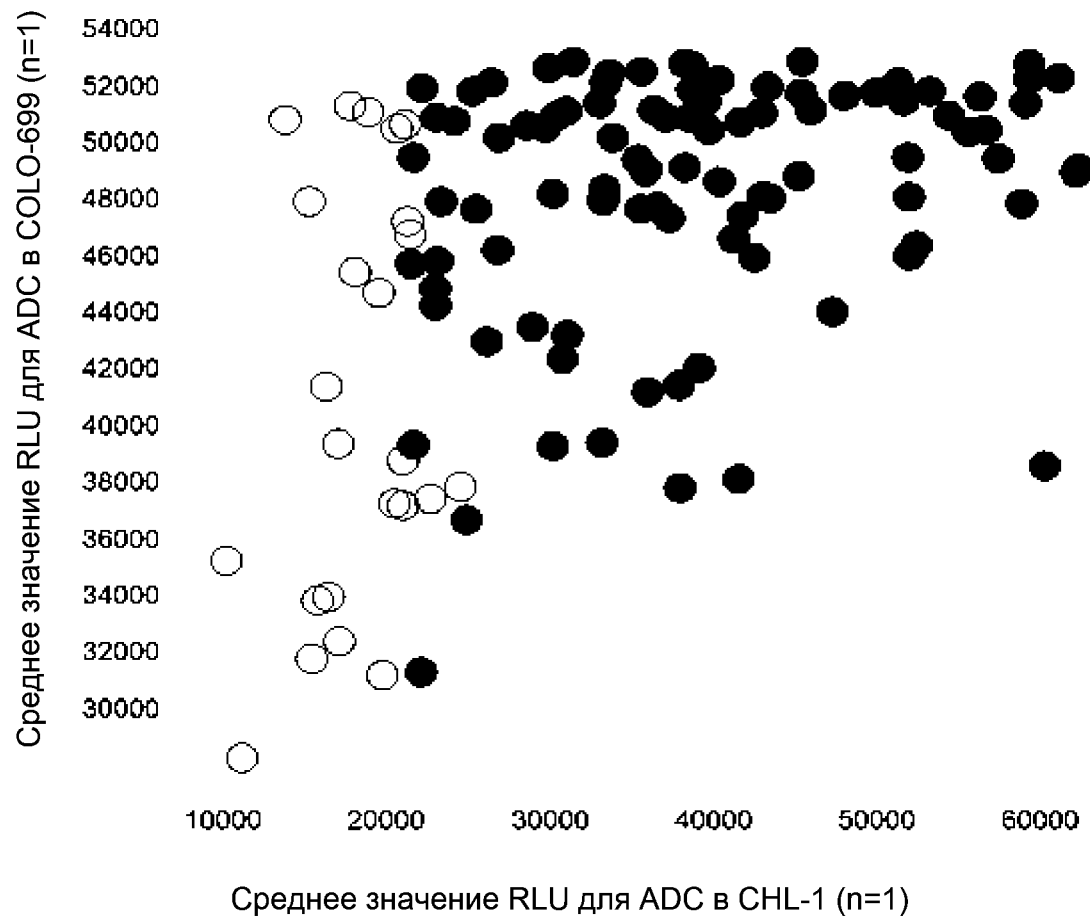
18. Набор, содержащий конструкцию антитела по любому из п.п.1-9 или конструкцию антитела, продуцируемую способом по п.13, вектор по п.11 и/или клетку-хозяина по п.12.

По доверенности



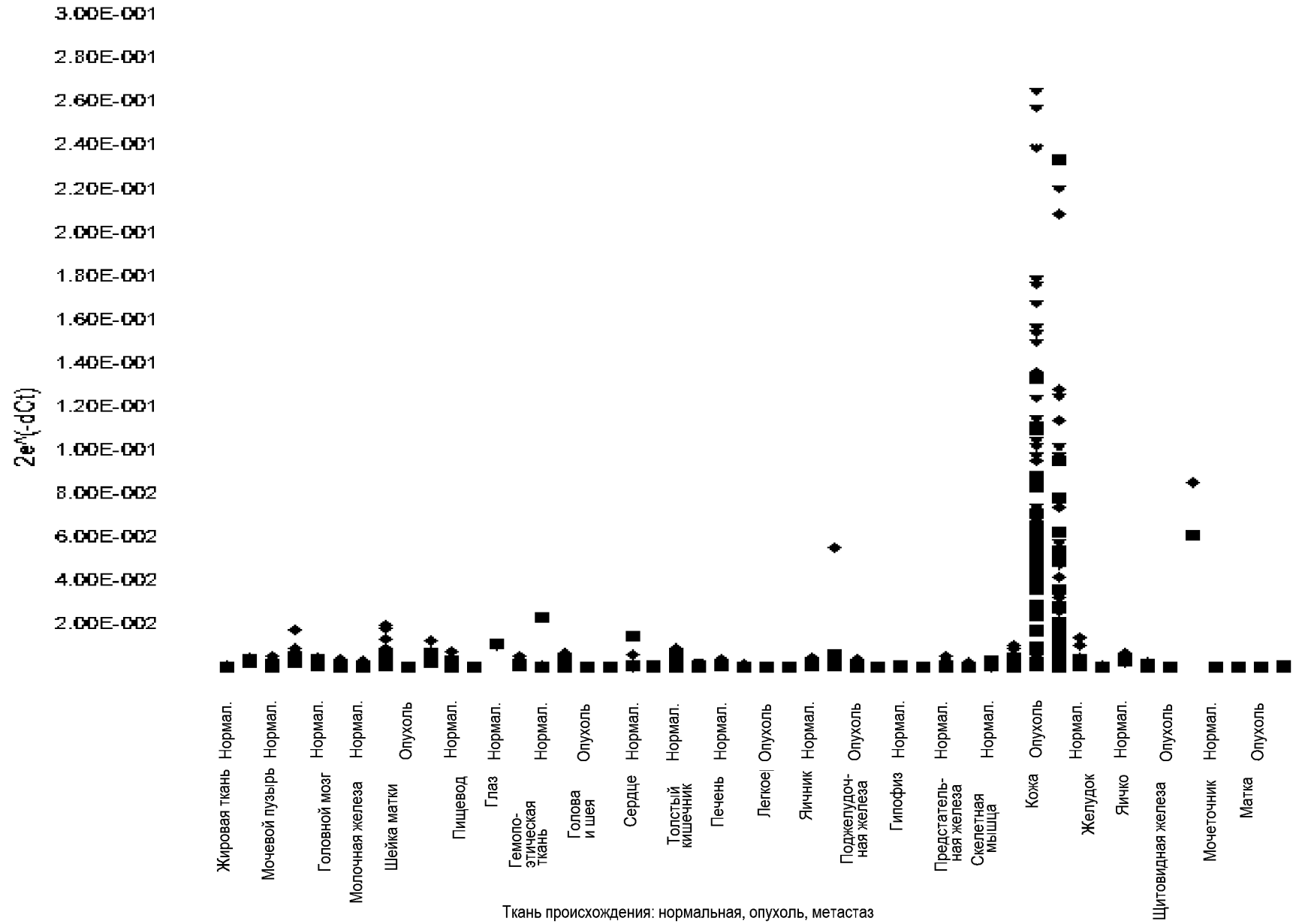


ФИГ. 1

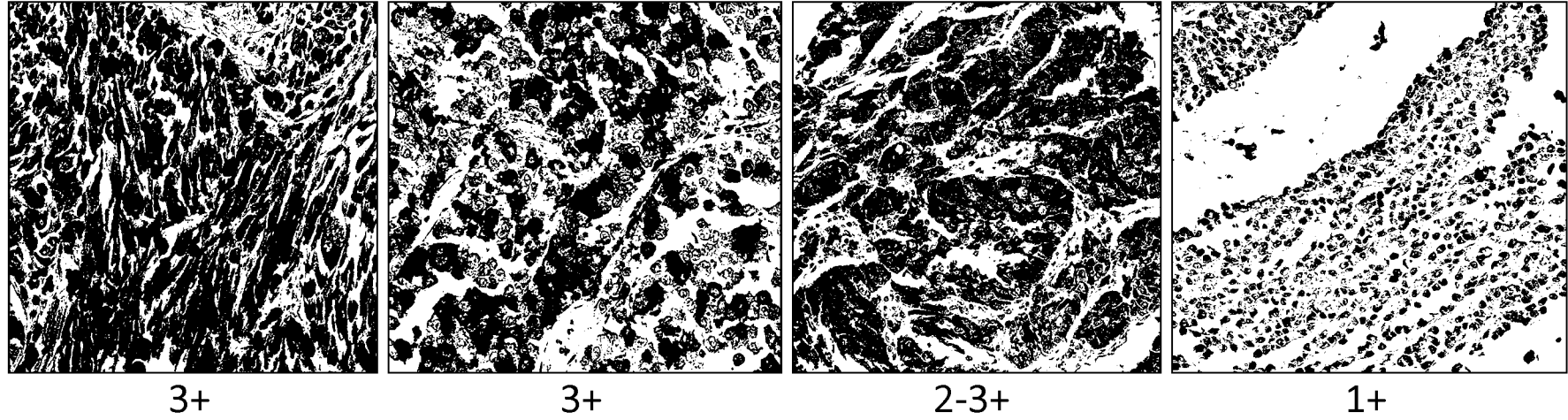


ФИГ. 2

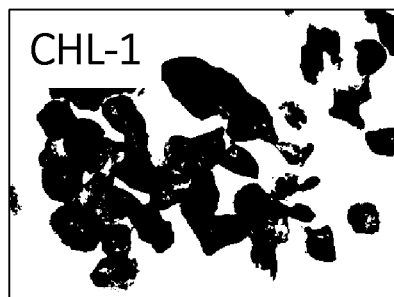
ФИГ. 3



ИНС первичной меланомы

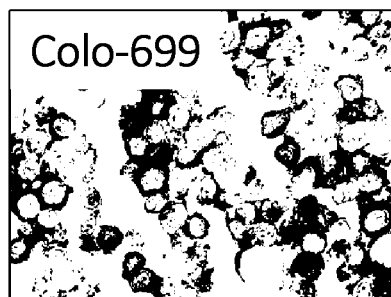


ФИГ. 4



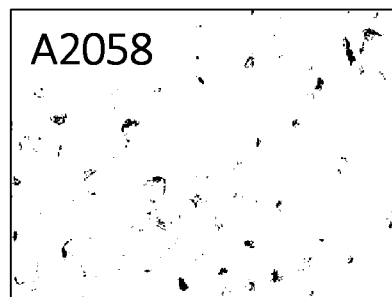
2-3+

~10000 рецепторов\*



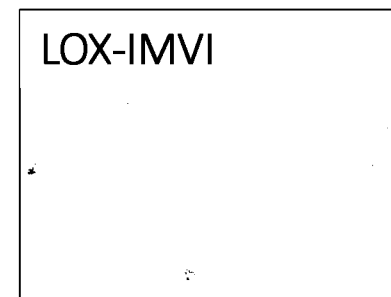
2+

~5000 рецепторов\*



1+

~1000



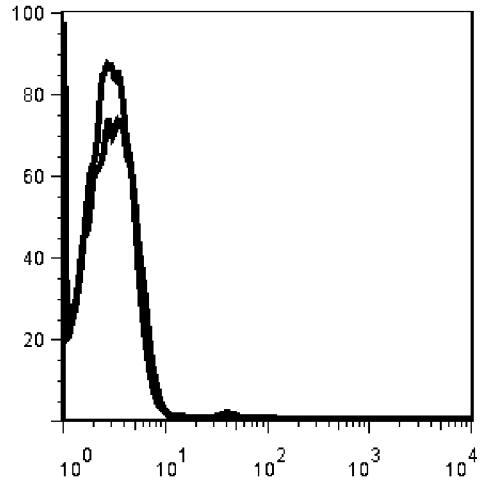
Отрицательный

< 50 рецепторов\*

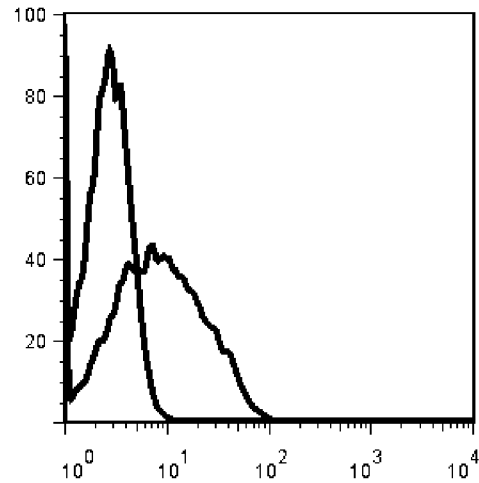
ФИГ. 5

# CDH19 2G6 x I2C

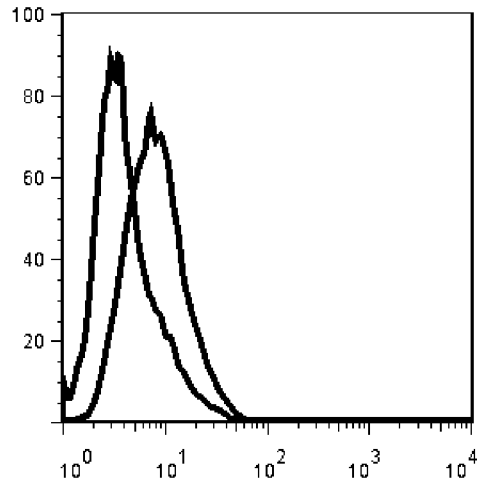
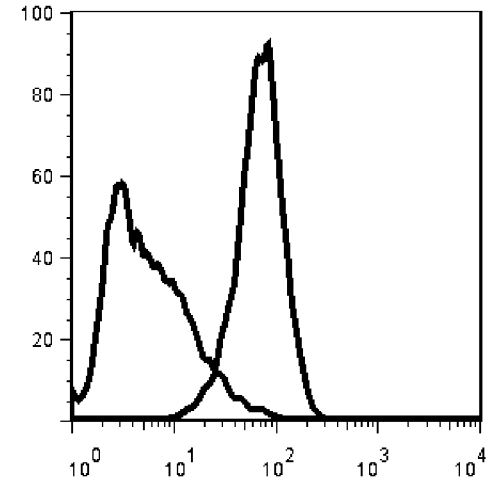
L1.2



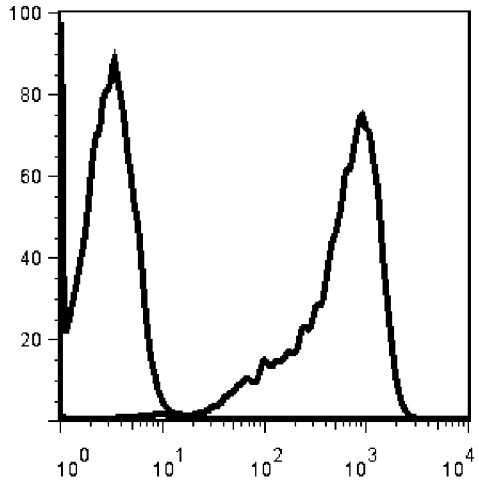
L1.2 – CDH19



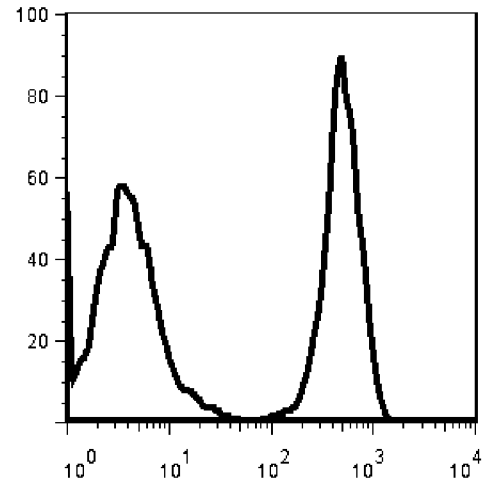
CHL-1 высокая экспрессия



A2058 слабая экспрессия



HPB-ALL CD3 человека

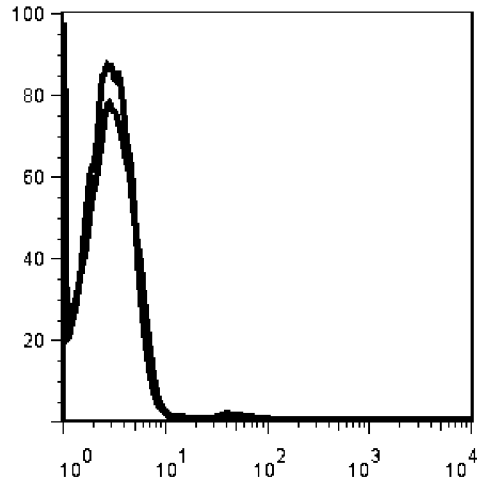


4119 LnPx CD3 макака

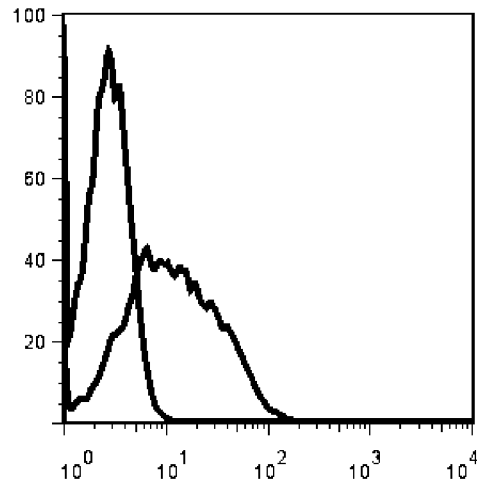
ФИГ. 6

# CDH19 25F8.1 x I2C

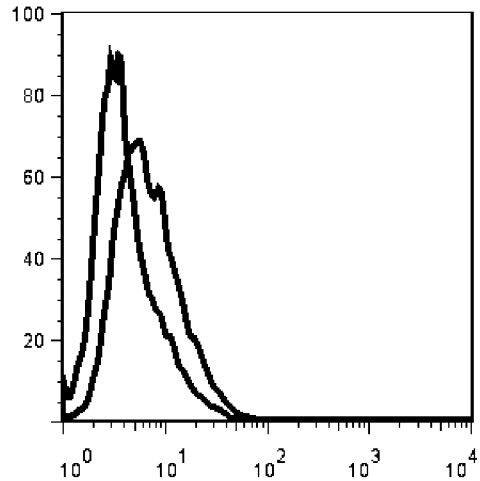
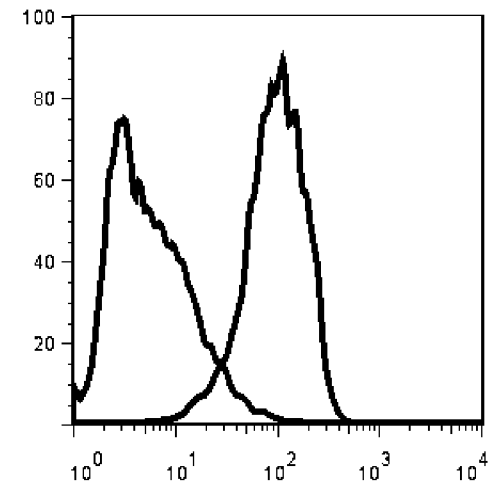
L1.2



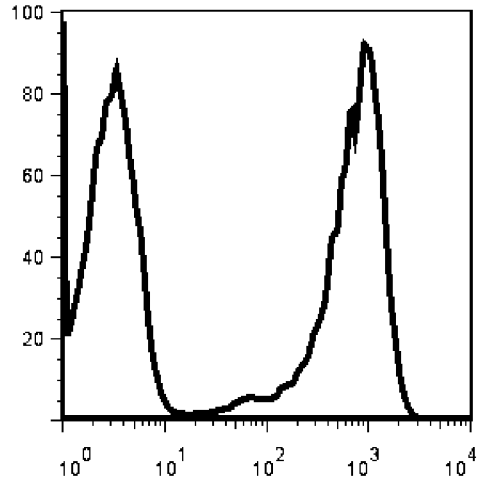
L1.2 – CDH19



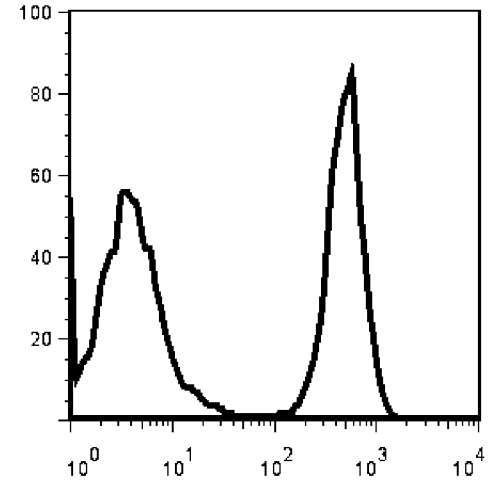
CHL-1 высокая экспрессия



A2058 слабая экспрессия



HPB-ALL CD3 человека

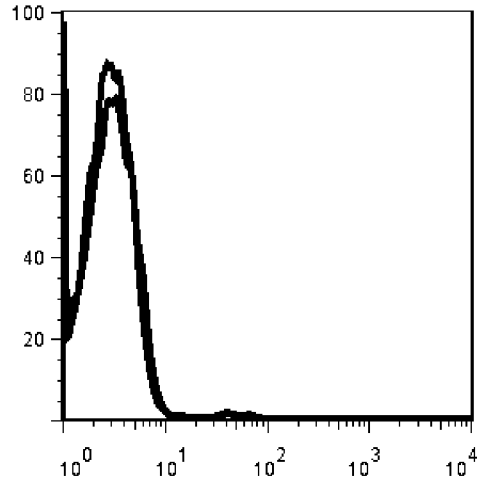


4119 LnPx CD3 макака

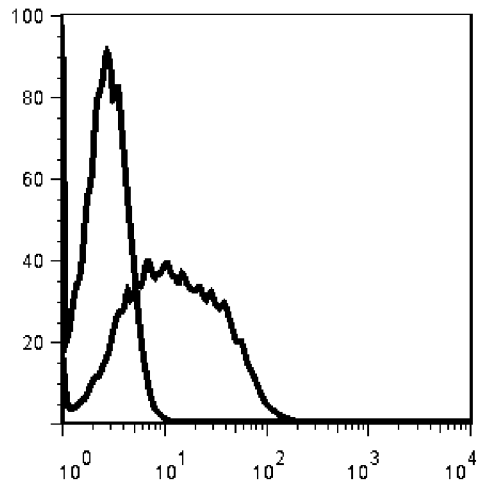
ФИГ. 6 (продолжение)

# CDH19 26D1.1 x I2C

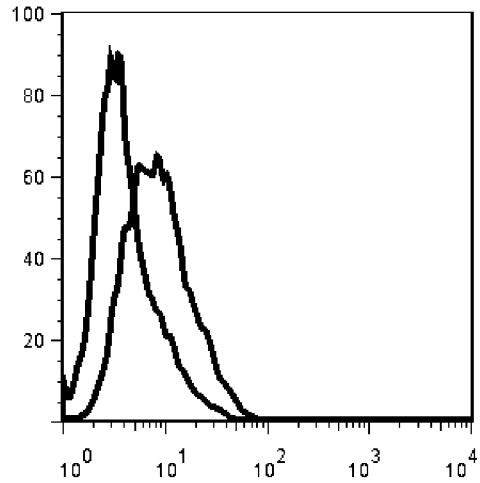
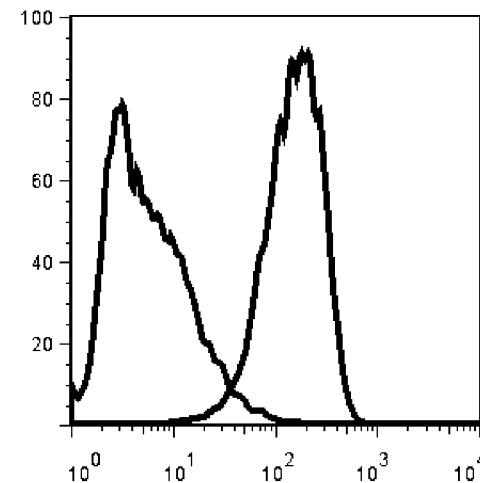
L1.2



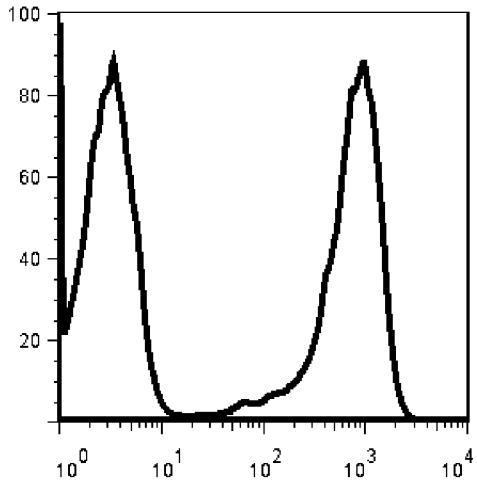
L1.2 – CDH19



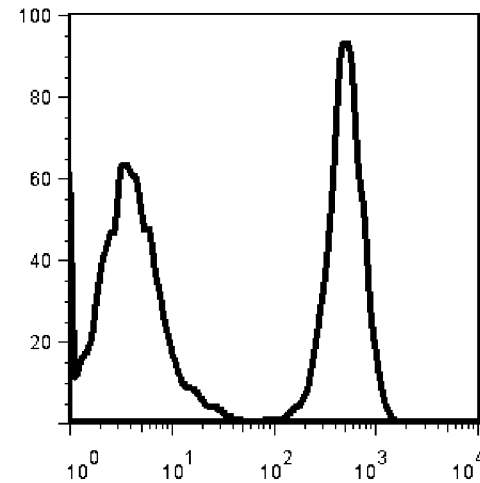
CHL-1 высокая экспрессия



A2058 слабая экспрессия



HPB-ALL CD3 человека



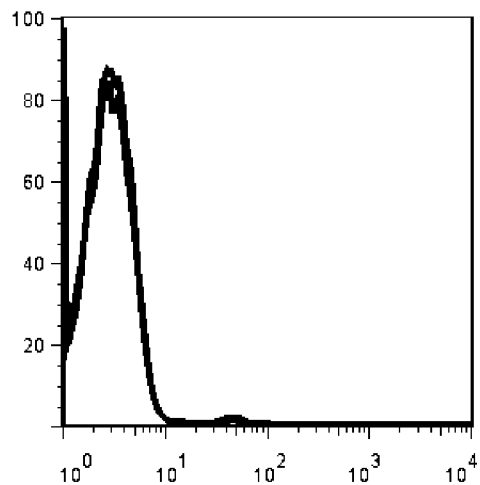
4119 LnPx CD3 макака

ФИГ. 6 (продолжение)

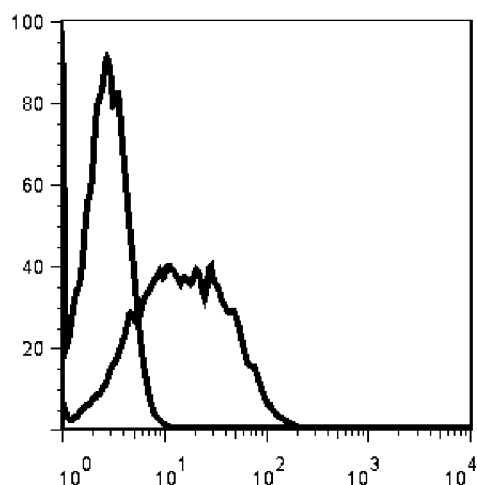


# CDH19 19B5.1 x I2C

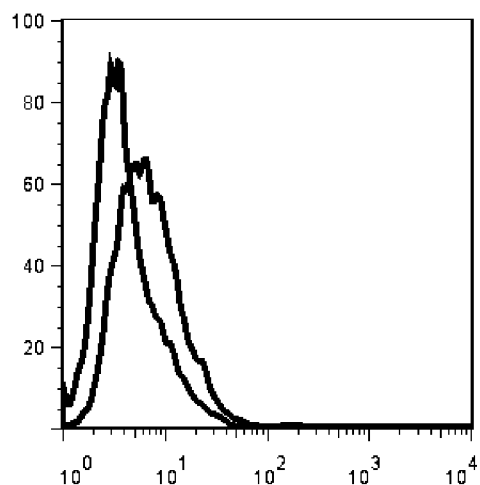
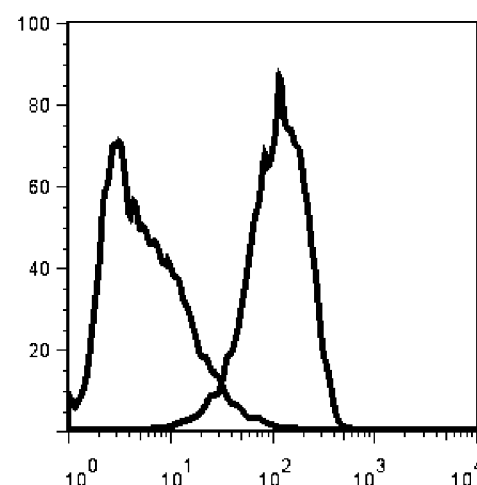
L1.2



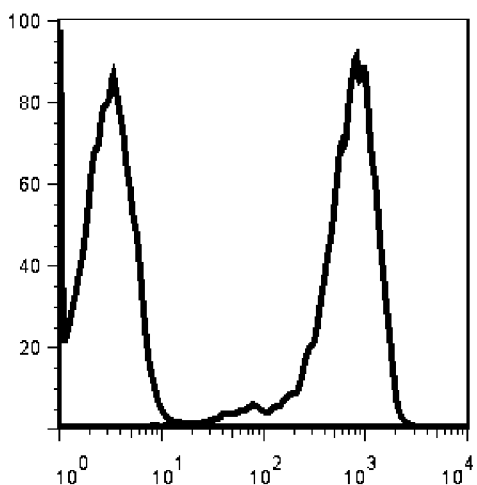
L1.2 – CDH19



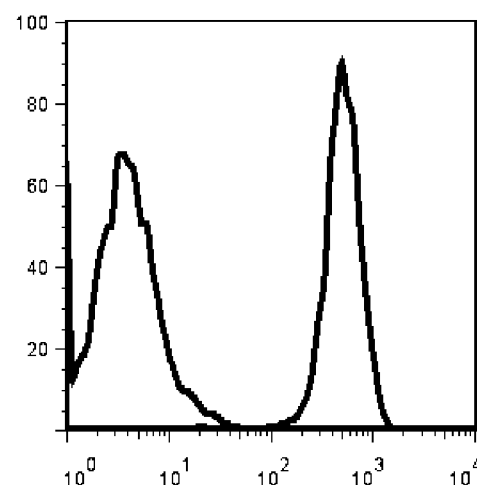
CHL-1 высокая экспрессия



A2058



HPB-ALL CD3 человека

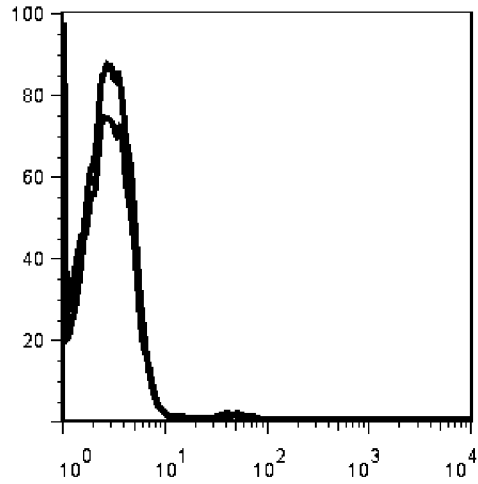


4119 LnPx CD3 макака

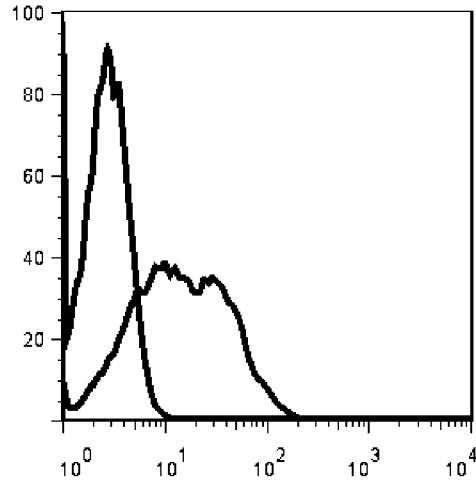
ФИГ. 6 (продолжение)

# CDH19 26F12.1 x I2C

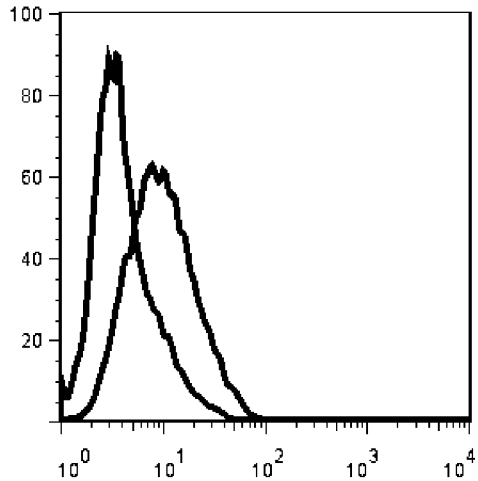
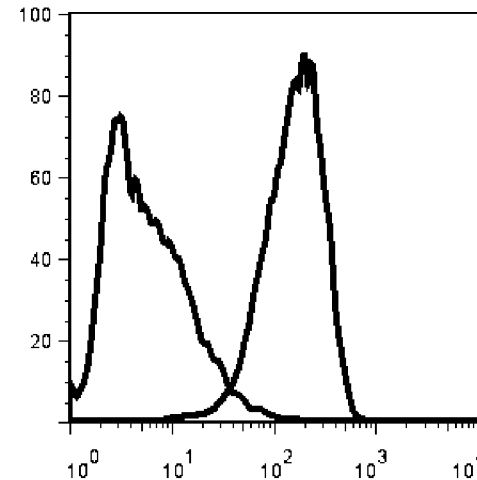
L1.2



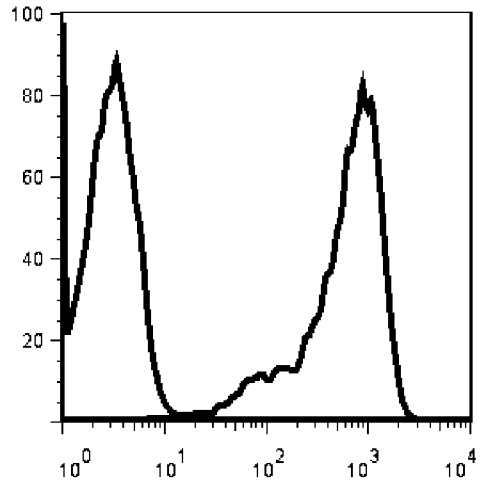
L1.2 – CDH19



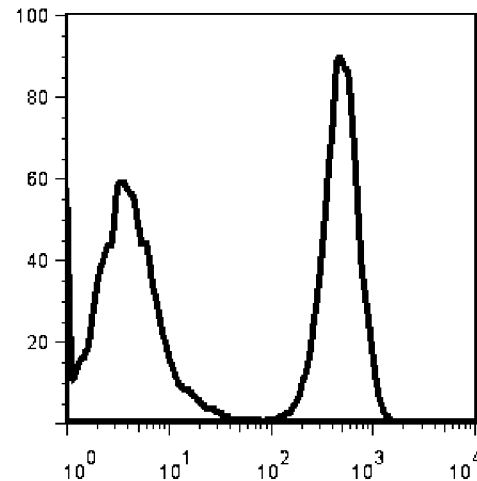
CHL-1 высокая экспрессия



A2058



HPB-ALL CD3 человека

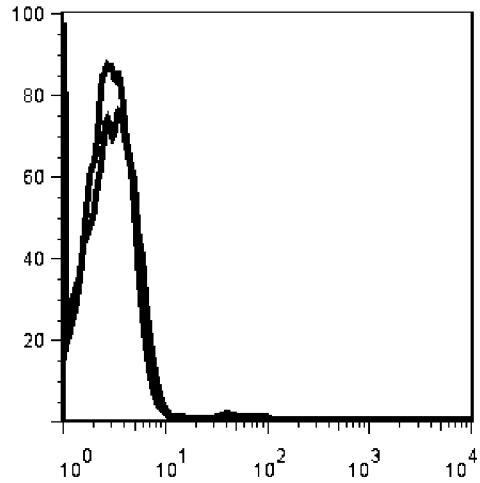


4119 LnPx CD3 макака

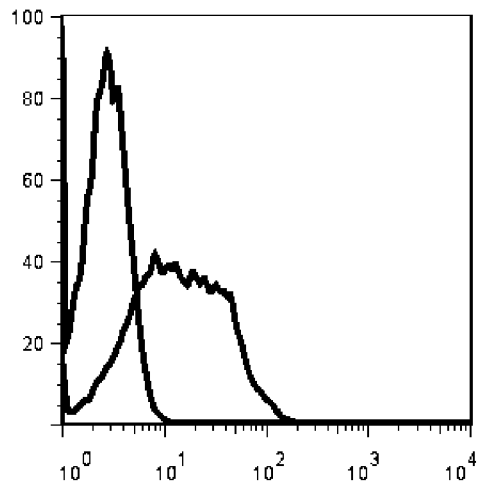
ФИГ. 6 (продолжение)

# CDH19 20D3.1 x I2C

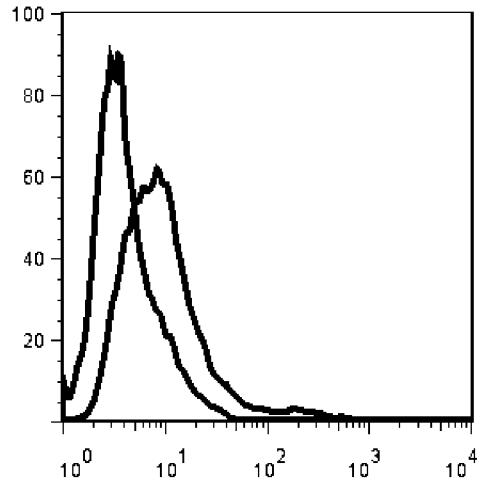
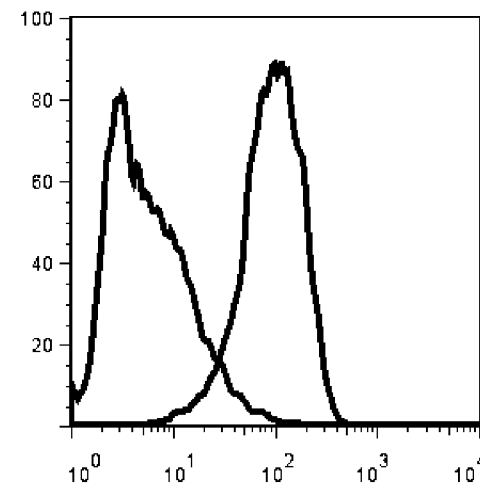
L1.2



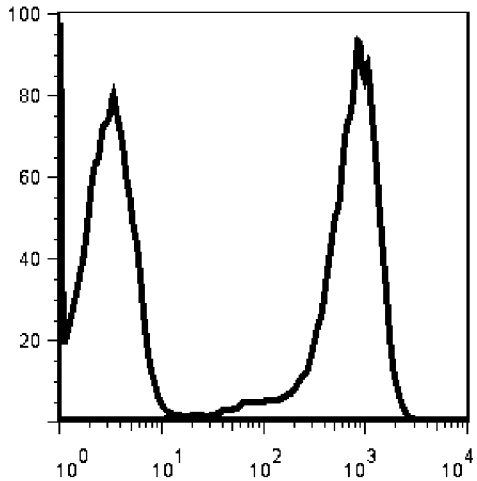
L1.2 – CDH19



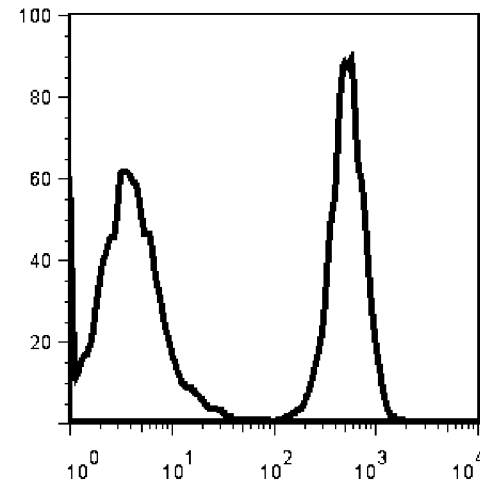
CHL-1 высокая экспрессия



A2058 слабая экспрессия



HPB-ALL CD3 человека

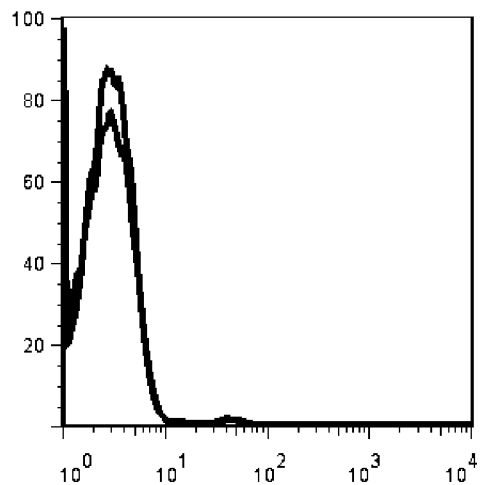


4119 LnPx CD3 макака

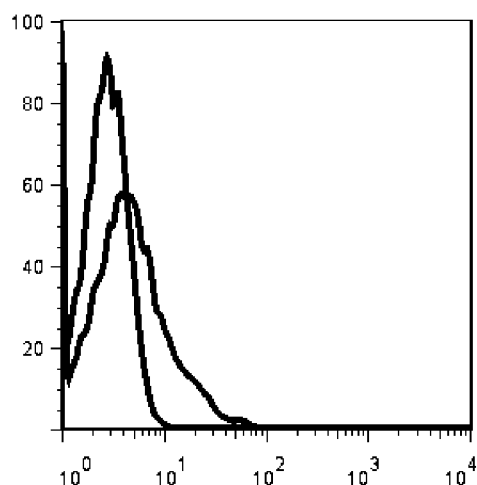
ФИГ. 6 (продолжение)

# CDH19 4F7 x I2C

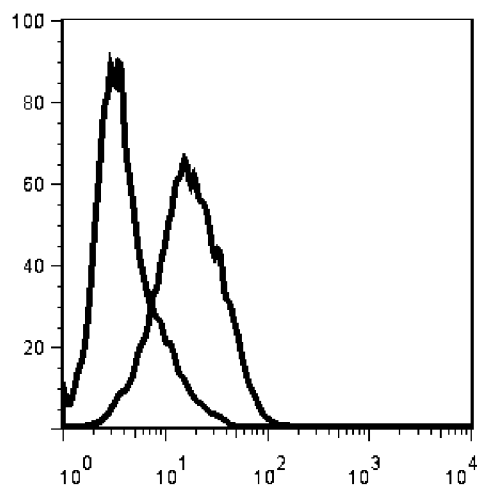
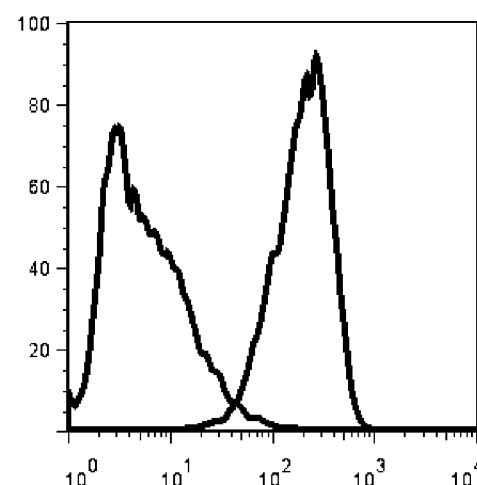
L1.2



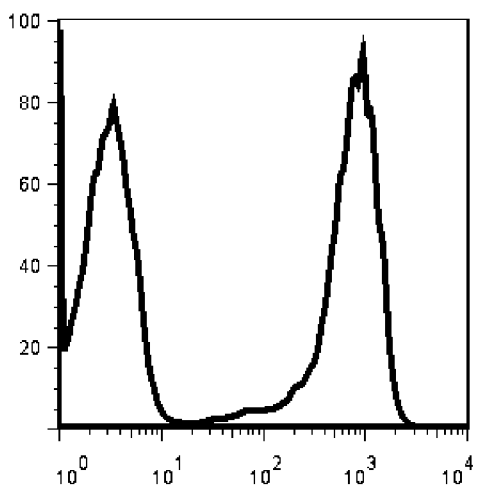
L1.2 – CDH19



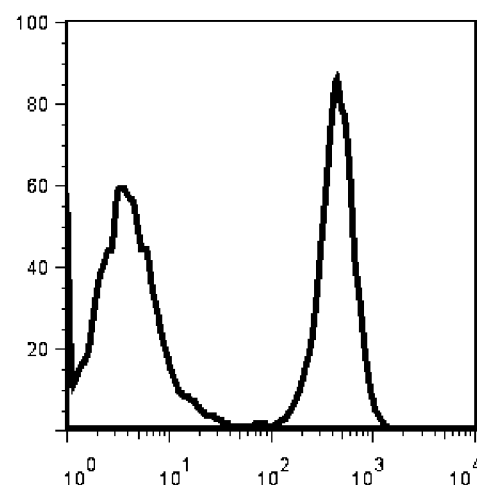
CHL-1 высокая экспрессия



A2058 слабая экспрессия



HPB-ALL CD3 человека

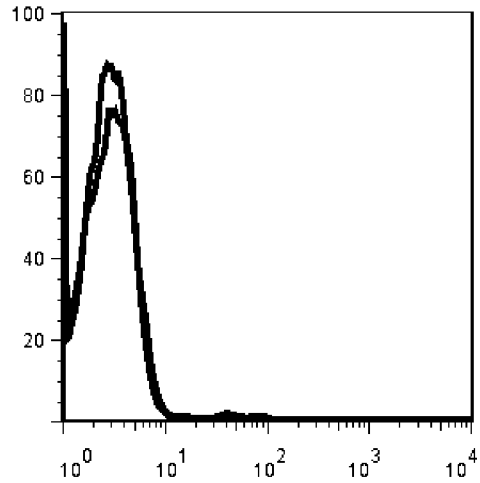


4119 LnPx CD3 макака

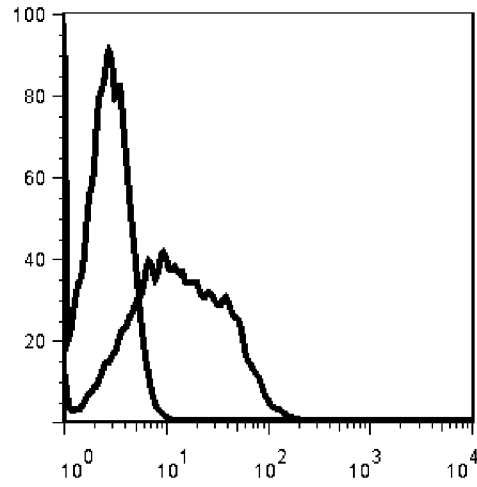
ФИГ. 6 (продолжение)

# CDH19 22D1.1 x I2C

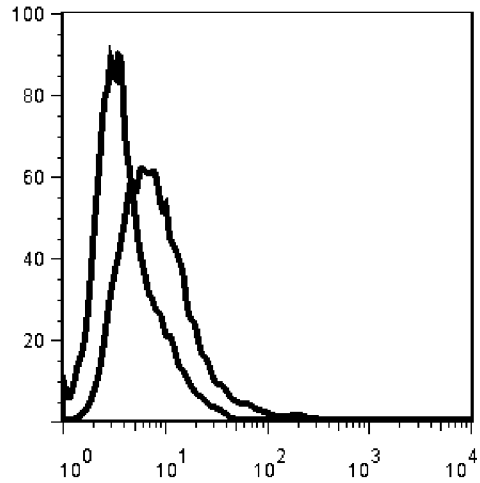
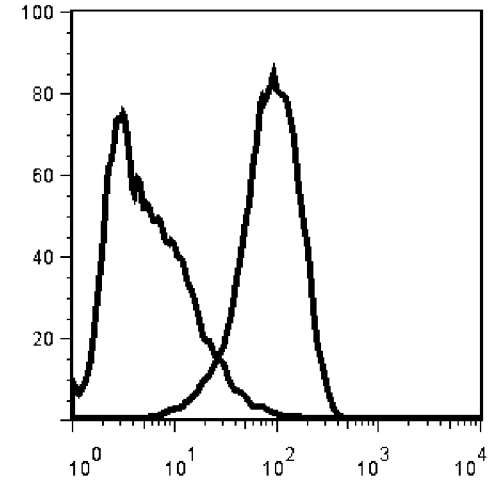
L1.2



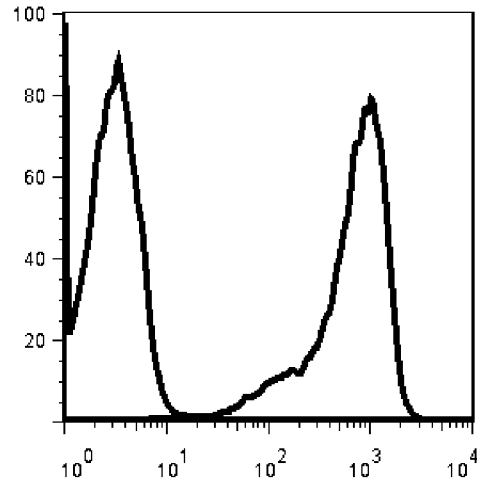
L1.2 – CDH19



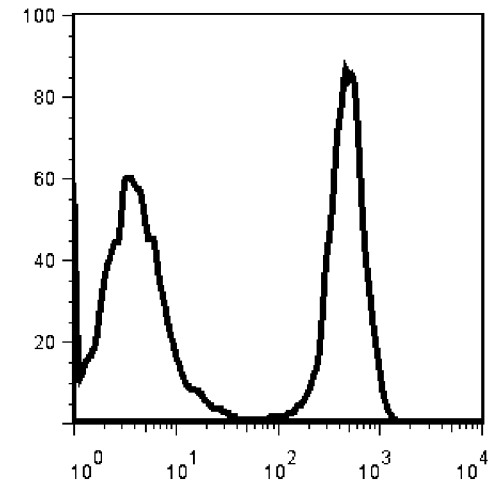
CHL-1 высокая экспрессия



A2058 слабая экспрессия



HPB-ALL CD3 человека

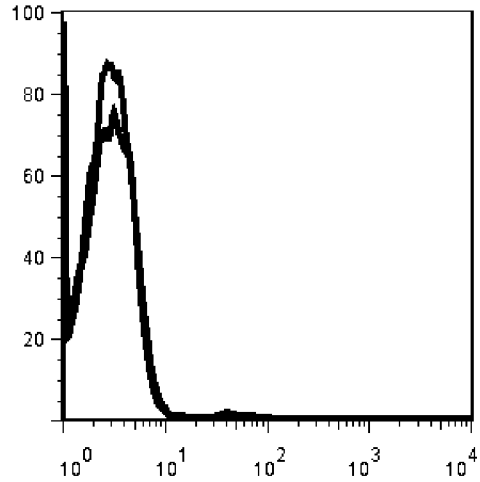


4119 LnPx CD3 макака

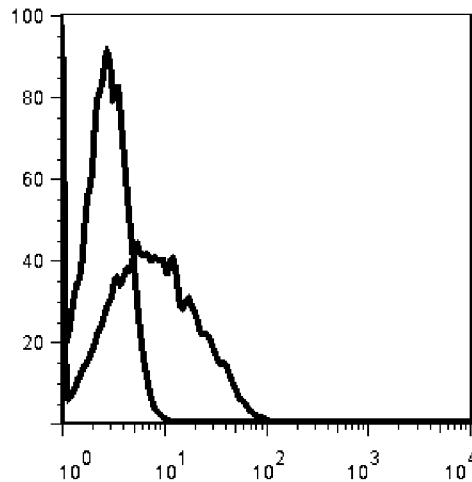
ФИГ. 6 (продолжение)

# CDH19 23A10.3 x I2C

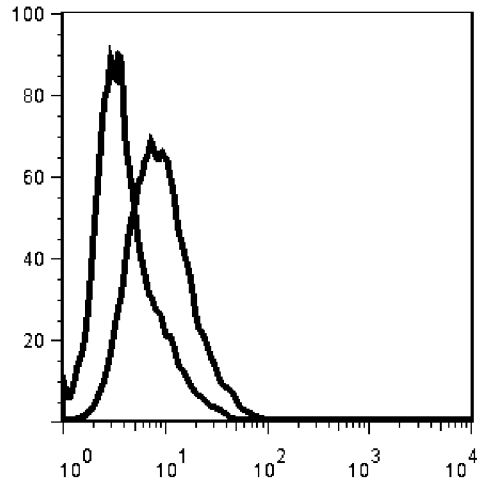
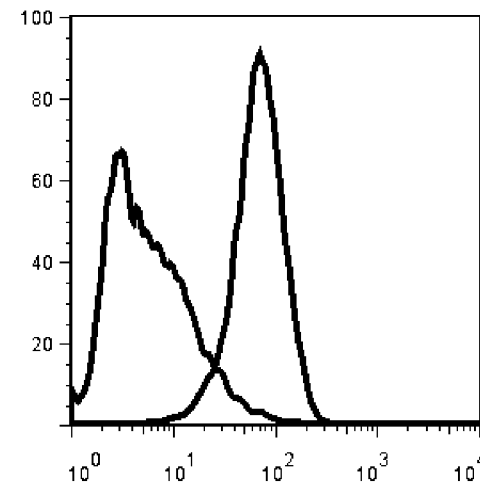
L1.2



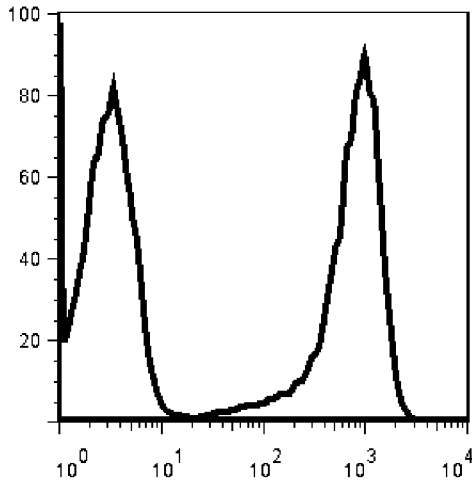
L1.2 – CDH19



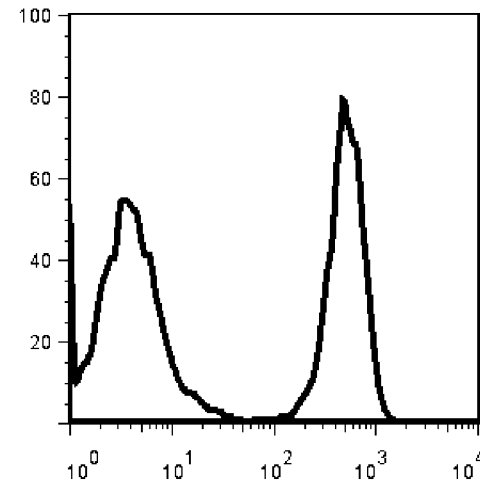
CHL-1 высокая экспрессия



A2058 слабая экспрессия



HPB-ALL CD3 человека

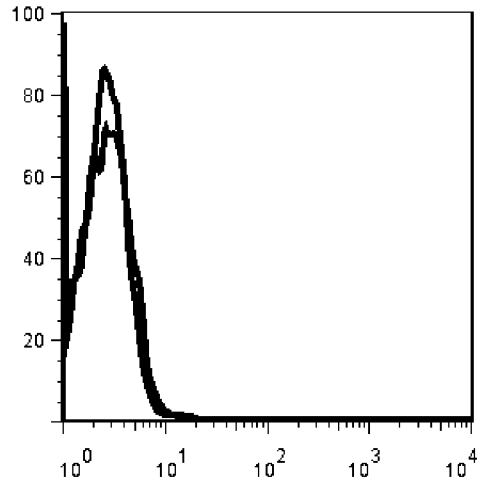


4119 LnPx CD3 макака

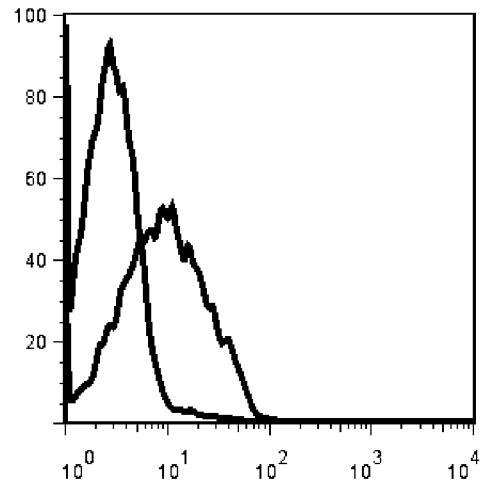
ФИГ. 6 (продолжение)

Положительный контроль

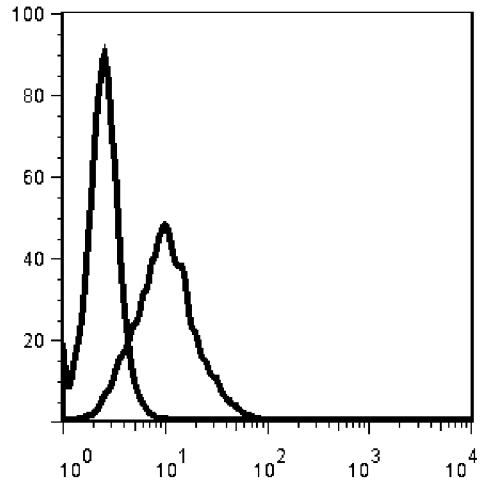
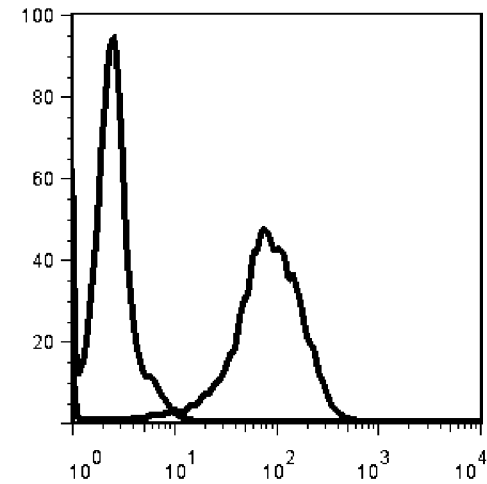
L1.2



L1.2 – CDH19

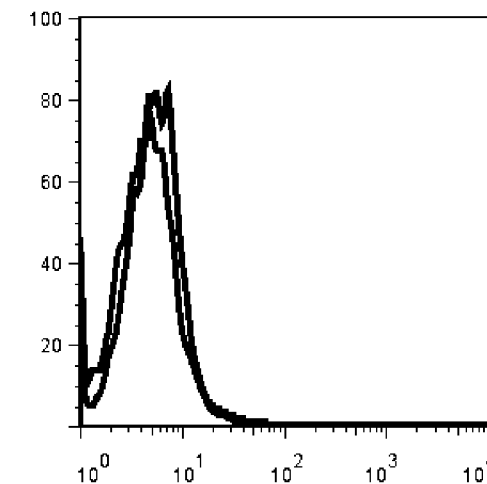


CHL-1 высокая экспрессия



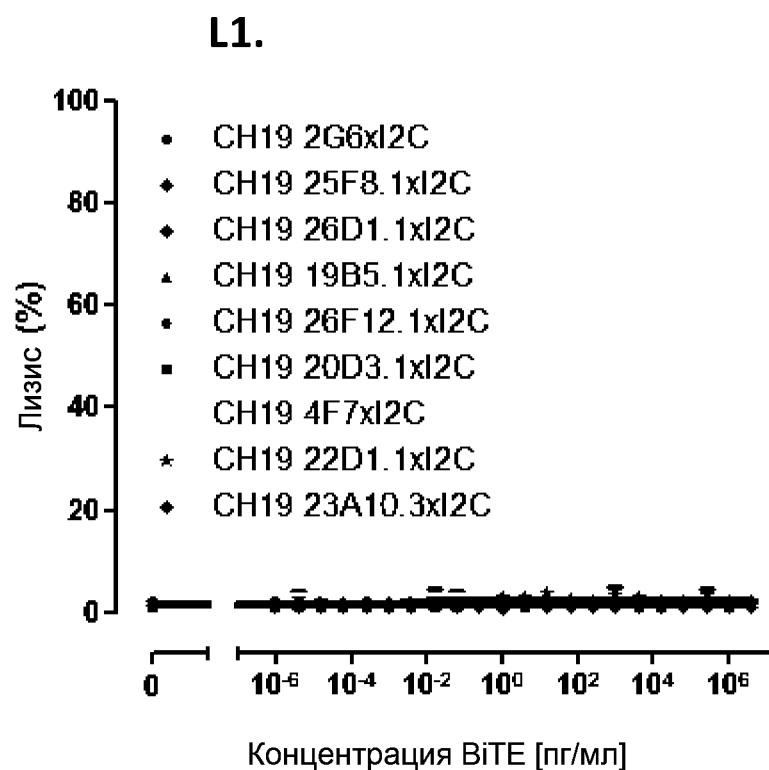
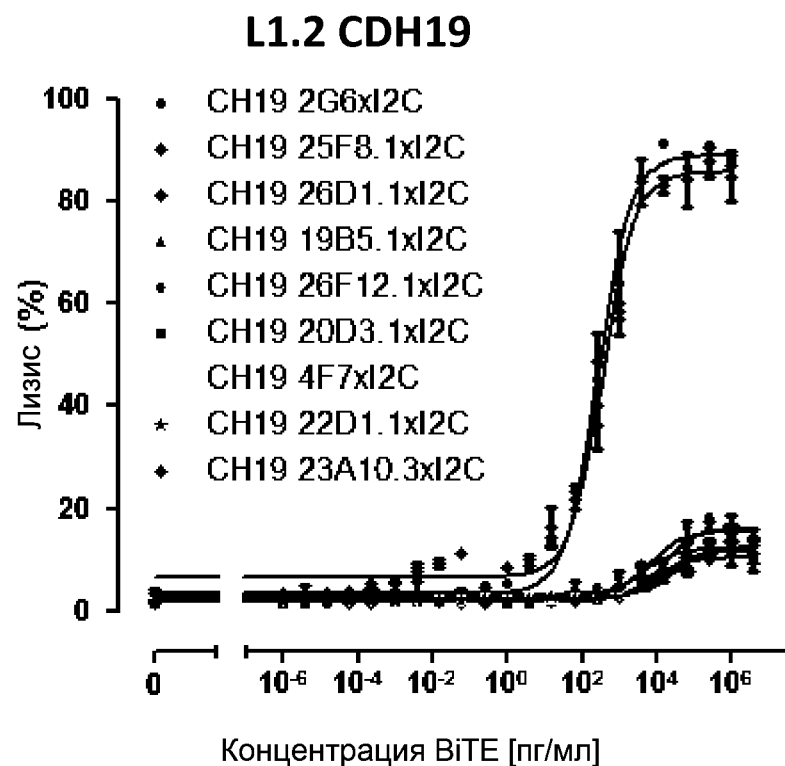
A2058 слабая экспрессия

HPB-ALL CD3 человека



4119 LnPx CD3 макака

ФИГ. 6 (продолжение)

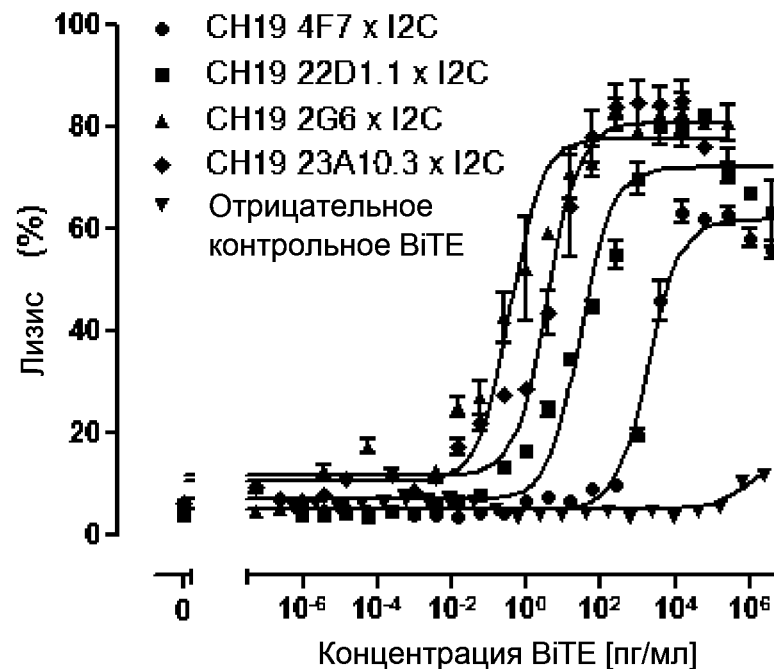
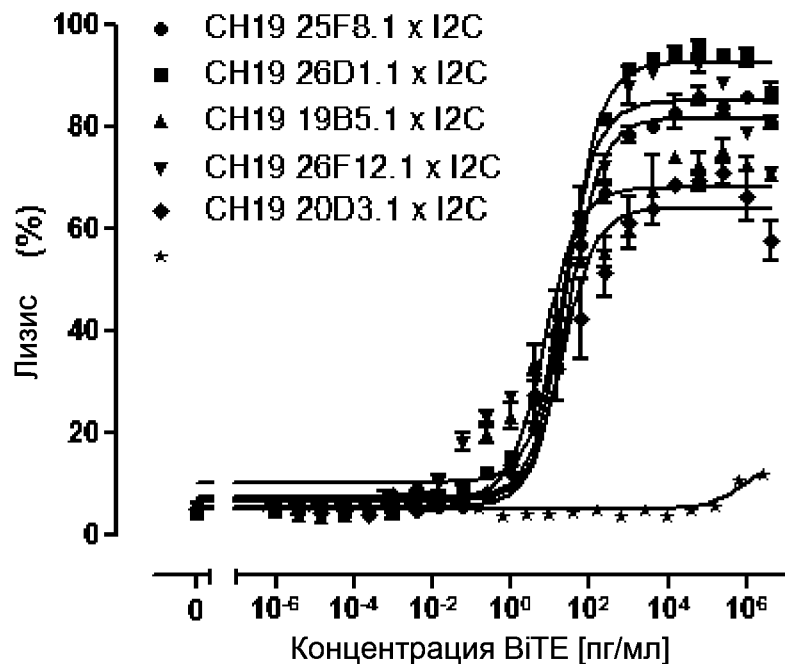


EC <sub>50</sub>	2G6 x I2C	25F8.1 x I2C	26D1.1 x I2C	19B5.1 x I2C	26F12.1 x I2C	20D3.1 x I2C	4F7 x I2C	22D1.1 x I2C	23A10.3 x I2C
[пг/мл]	261	6973	3487	14236	6748	23796	16168	14379	346
пмоль/л	4.9	131	65.6	268	127	447	304	270	6.5

ФИГ. 7

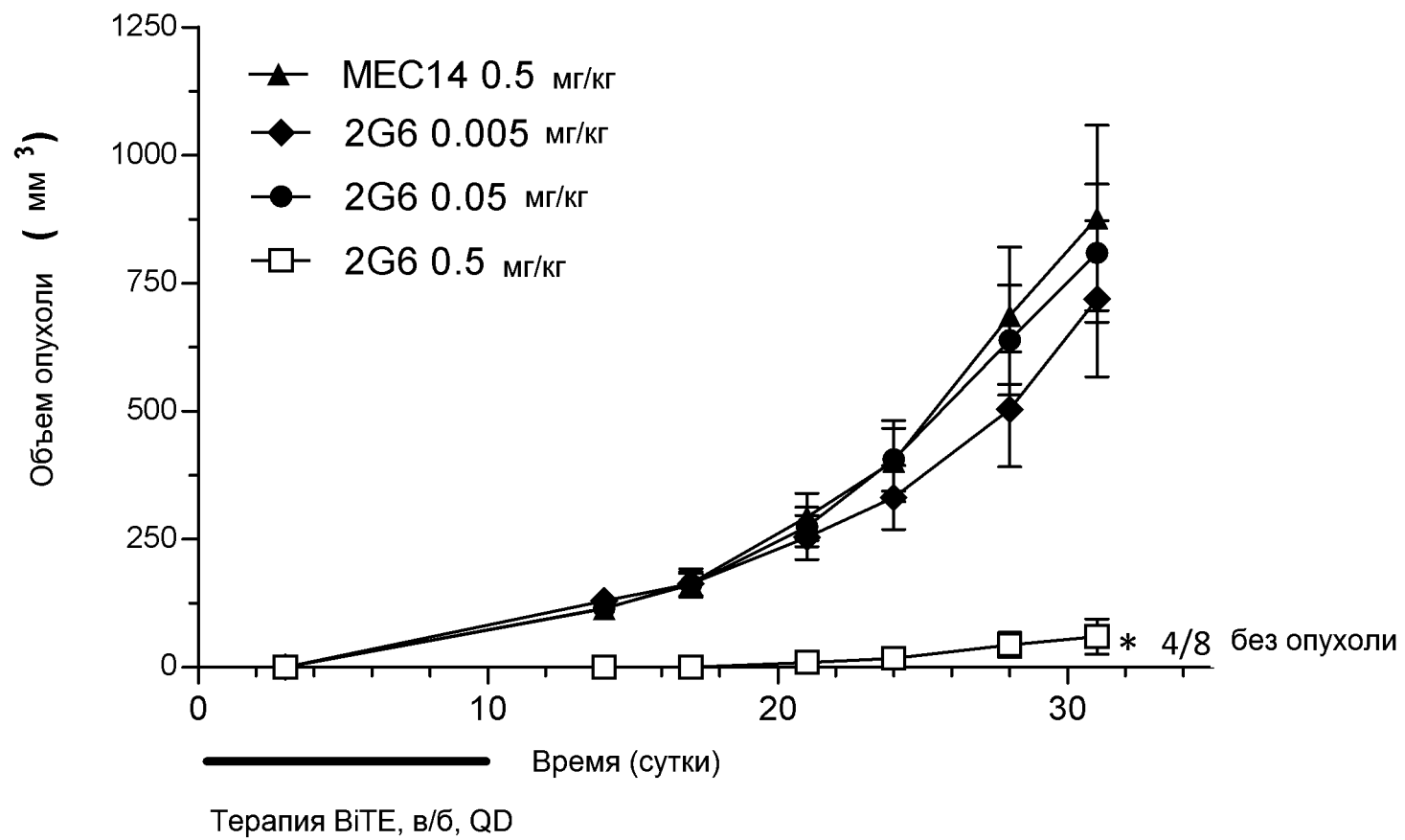


### CHL-1 (с высокой экспрессией CDH19)



EC <sub>50</sub>	2G6 x I2C	25F8.1 x I2C	26D1.1 x I2C	19B5.1 x I2C	26F12.1 x I2C	20D3.1 x I2C	4F7 x I2C	22D1.1 x I2C	23A10.3 x I2C
[пг/мл]	0.4	28	27	6.9	21	20	1842	28	3.6
фмоль/л	7.5	526	508	130	395	376	34630	526	67.7

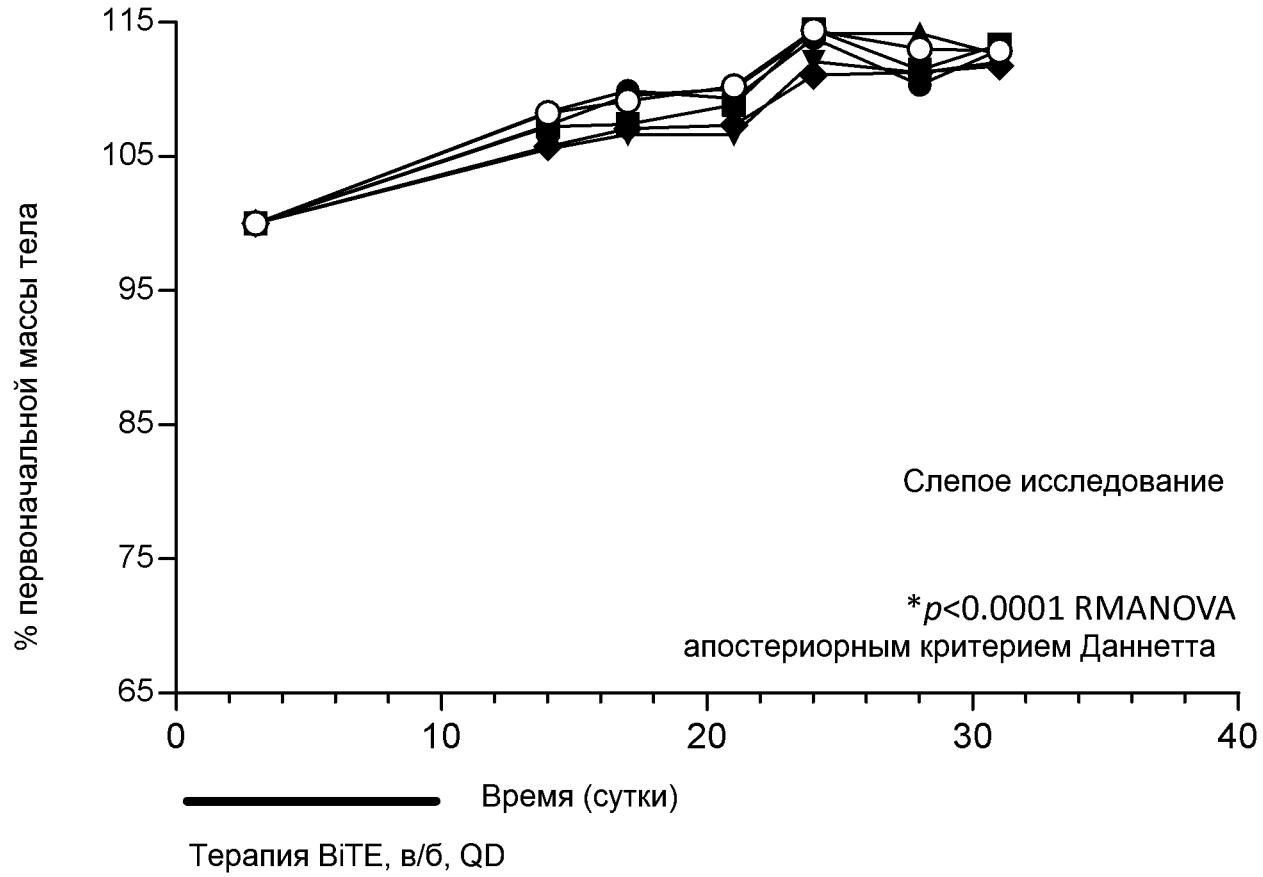
ФИГ. 7 (продолжение)



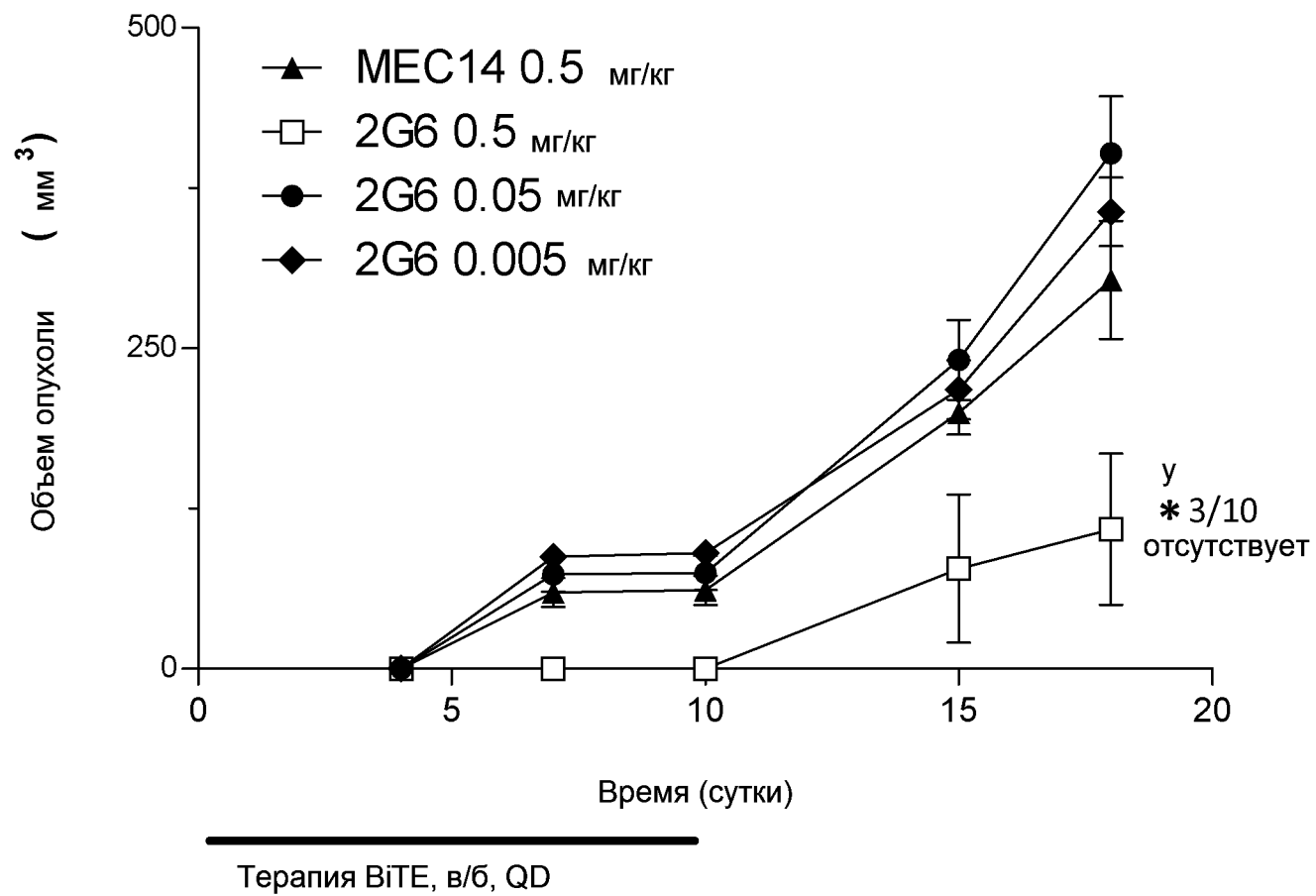
@ Опухоли и РВМС человека, инокулированные в соотношении 2:1 на 0 сутки

ФИГ. 8

### Масса тела

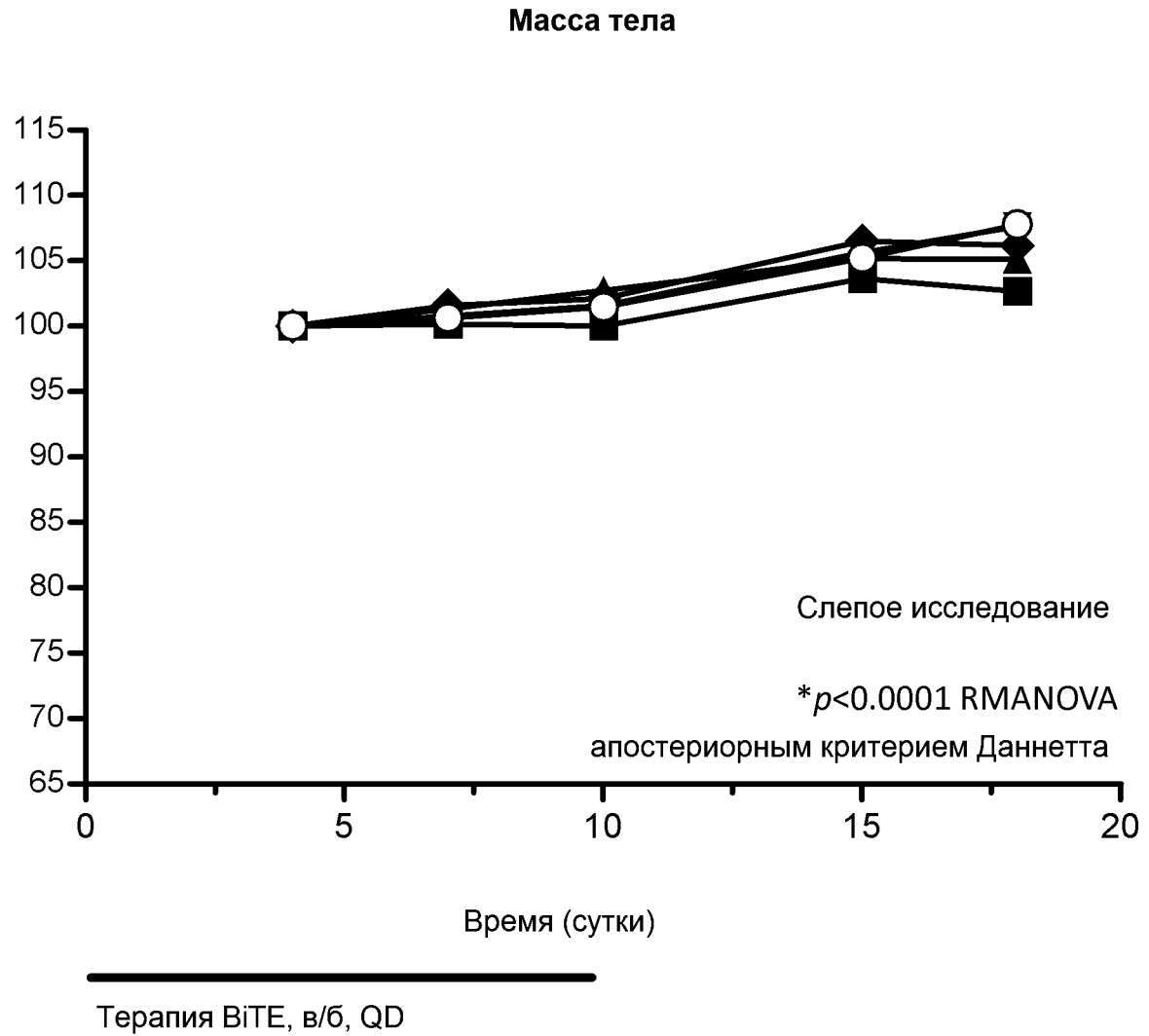


ФИГ. 8 (продолжение)

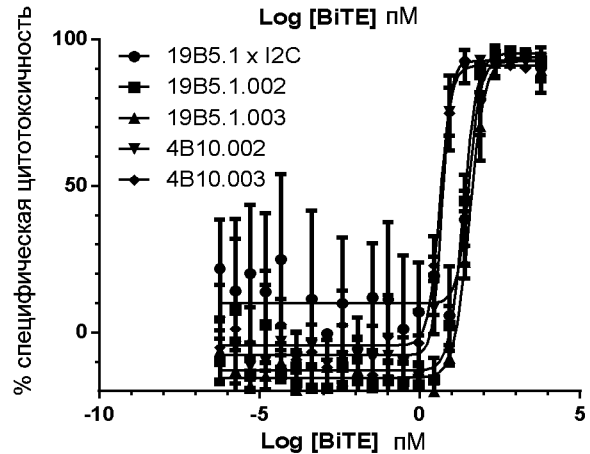
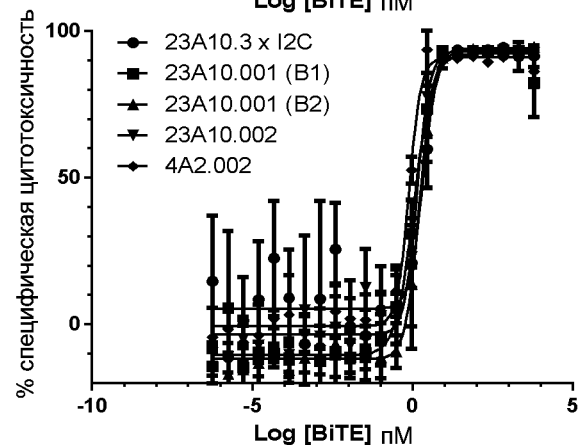
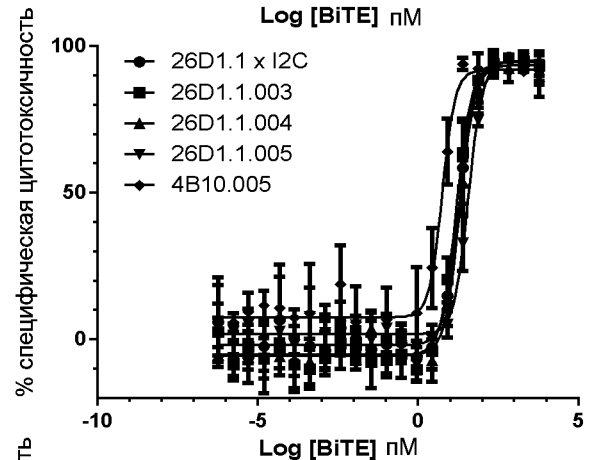
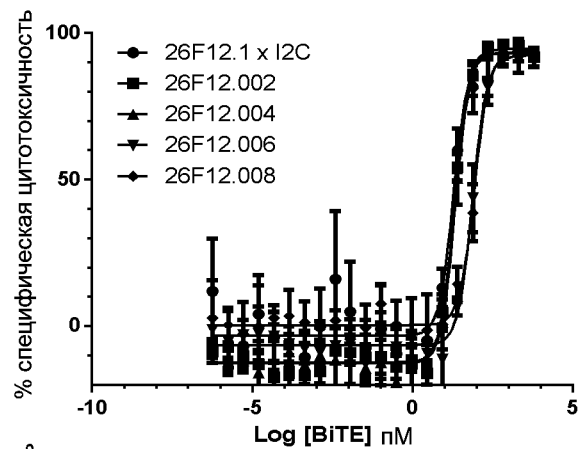
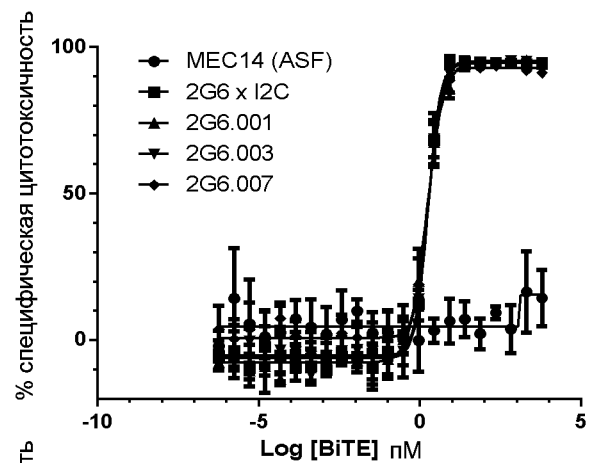


@ Опухоли и РВМС человека, инокулированные в соотношении 2:1 на 0 сутки

ФИГ. 9

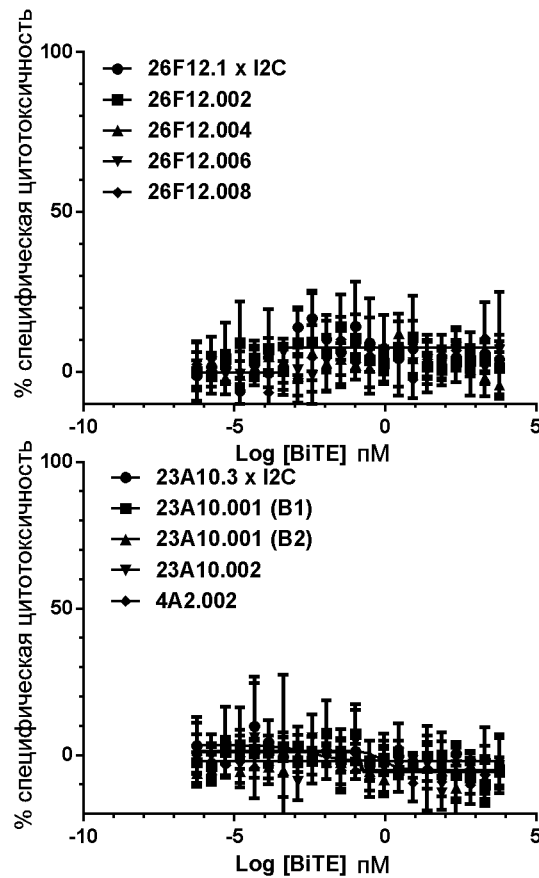
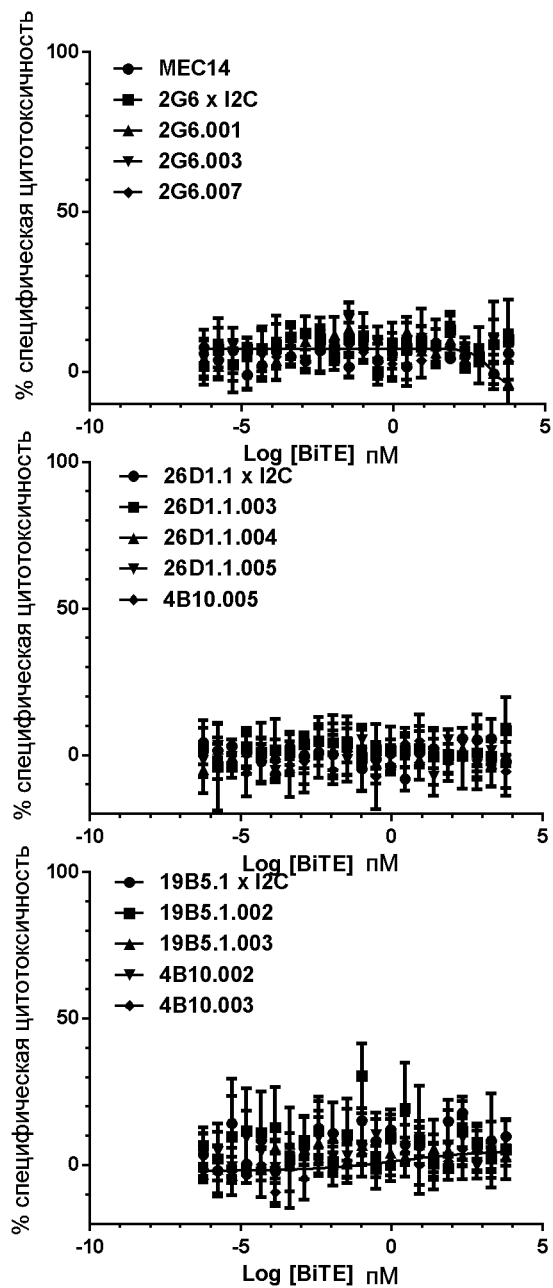


ФИГ. 9 (продолжение)



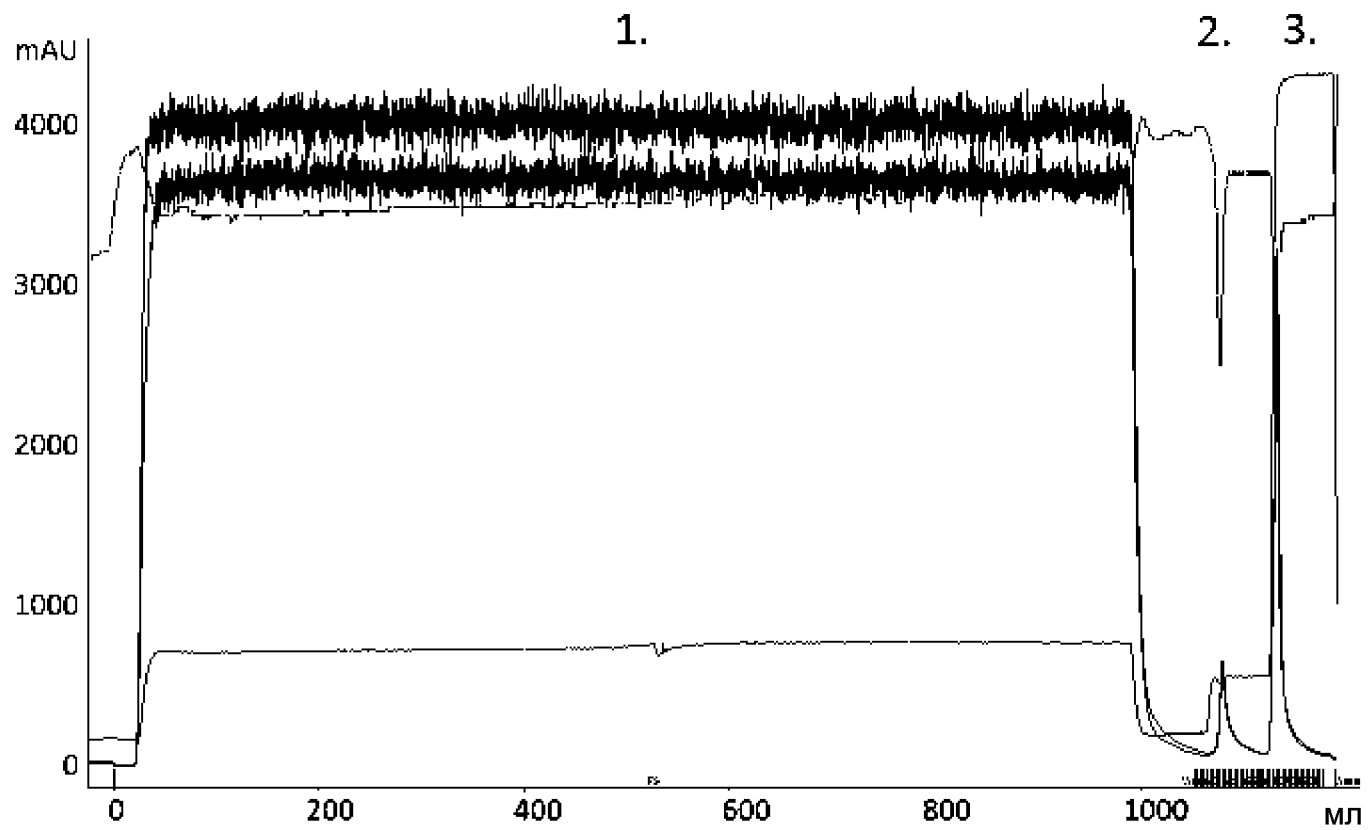
ФИГ. 10А

CDH19 BiTE	EC50[nM]
2G6 x I2C	1.729
2G6.001	1.576
2G6.003	1.721
2G6.007	1.783
26F12.1 x I2C	18.48
26F12.002	19.4
26F12.004	20.74
26F12.006	72.22
26F12.008	83.43
19B5.1 x I2C	33.59
19B5.1.002	22.37
19B5.1.003	34.62
4B10.002	4.83
4B10.003	4.088
4B10.005	5.583
26D1.1 x I2C	19.19
26D1.1.003	15.53
26D1.1.004	19.77
26D1.1.005	36.42
23A10.3 x I2C	2.086
23A10.001 (B1)	1.078
23A10.001 (B2)	1.623
23A10.002	1.351
4A2.002	0.7547



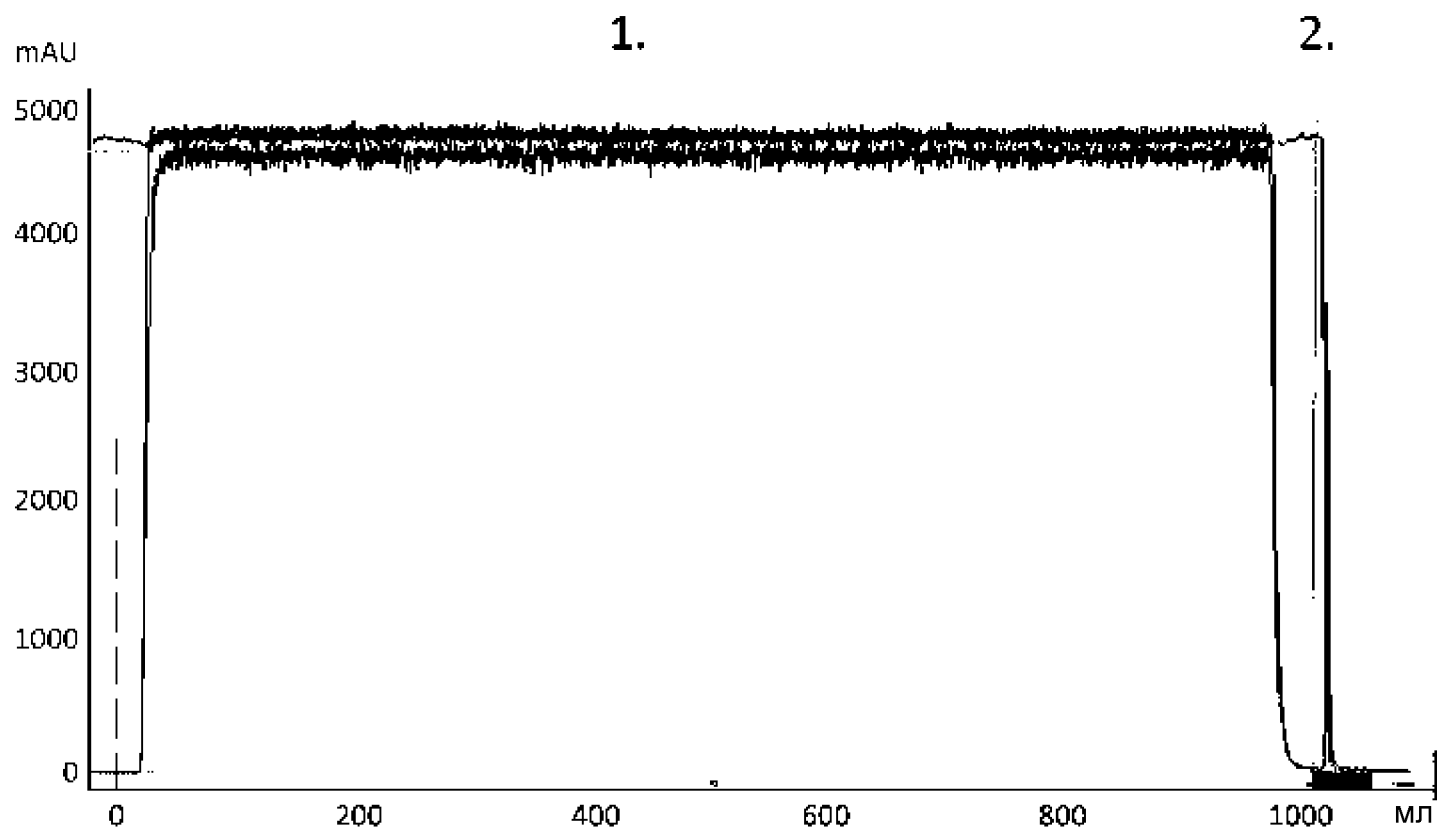
ФИГ. 10В

CDH19 BiTE	EC50[nM]
2G6 x I2C	нет специфической активности
2G6.001	нет специфической активности
2G6.003	нет специфической активности
2G6.007	нет специфической активности
26F12.1 x I2C	нет специфической активности
26F12.002	нет специфической активности
26F12.004	нет специфической активности
26F12.006	нет специфической активности
26F12.008	нет специфической активности
19B5.1 x I2C	нет специфической активности
19B5.1.002	нет специфической активности
19B5.1.003	нет специфической активности
4B10.002	нет специфической активности
4B10.003	нет специфической активности
4B10.005	нет специфической активности
26D1.1 x I2C	нет специфической активности
26D1.1.003	нет специфической активности
26D1.1.004	нет специфической активности
26D1.1.005	нет специфической активности
23A10.3 x I2C	нет специфической активности
23A10.001 (B1)	нет специфической активности
23A10.001 (B2)	нет специфической активности
23A10.002	нет специфической активности
4A2.002	нет специфической активности

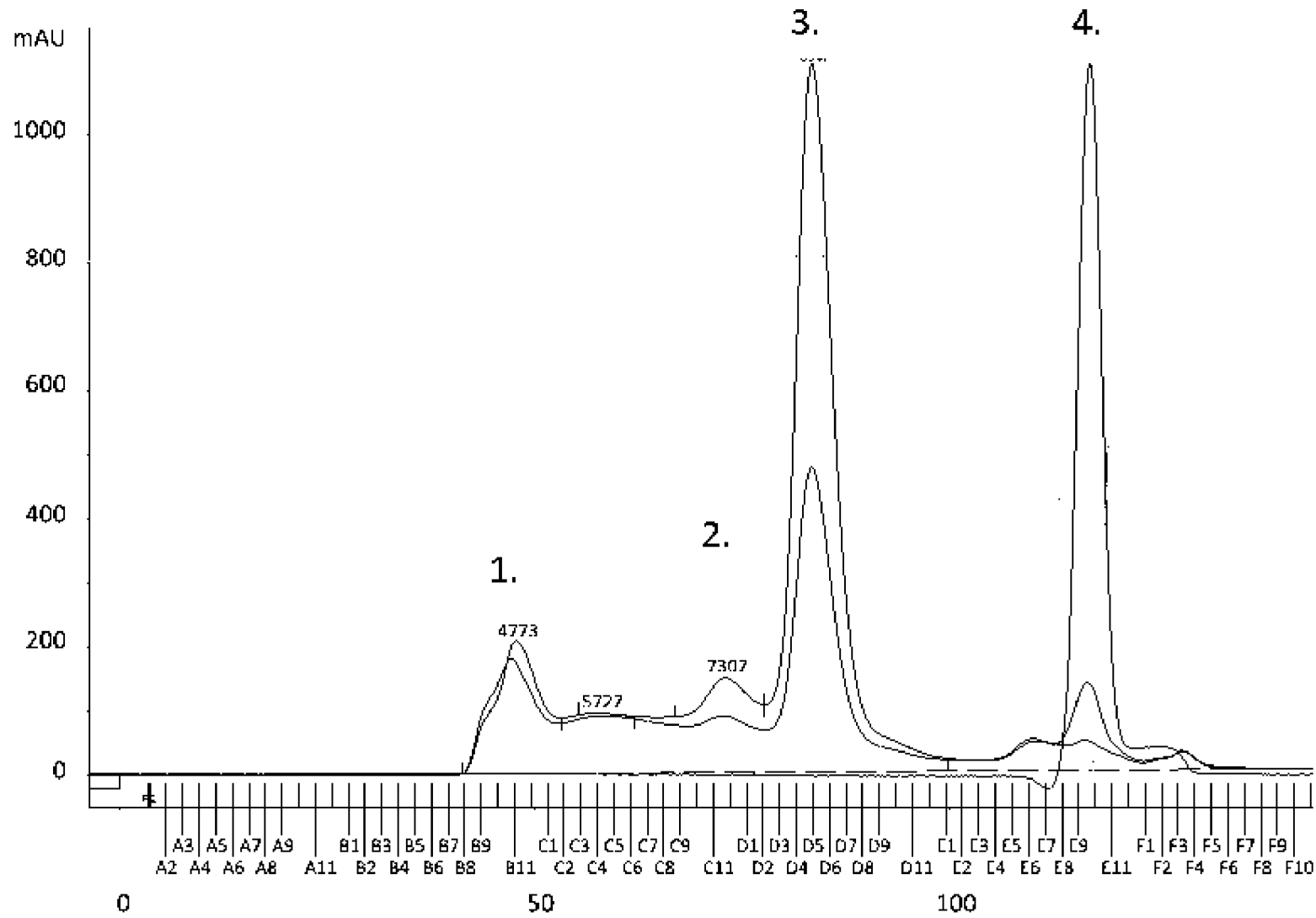


ФИГ. 11



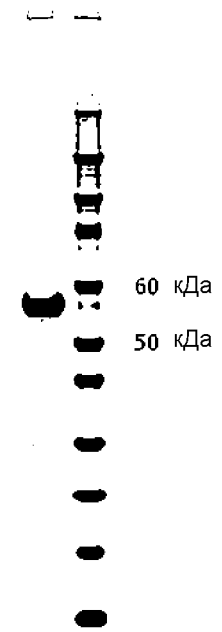


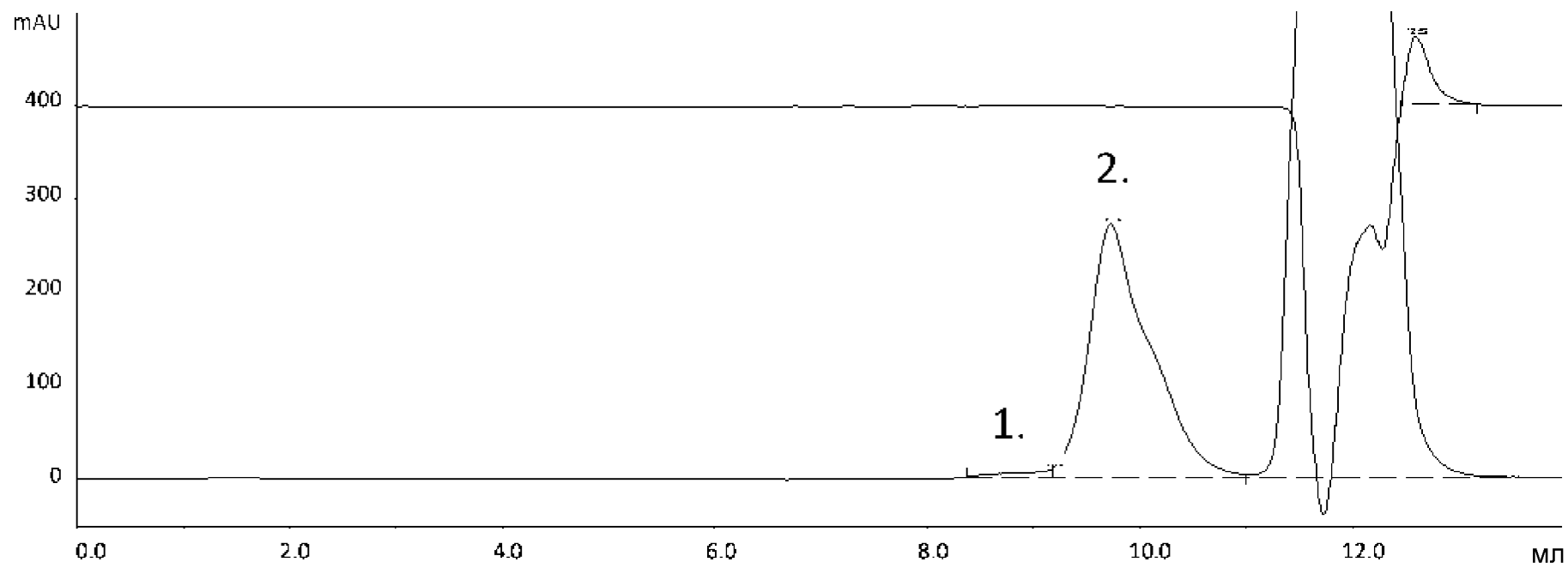
ФИГ. 12



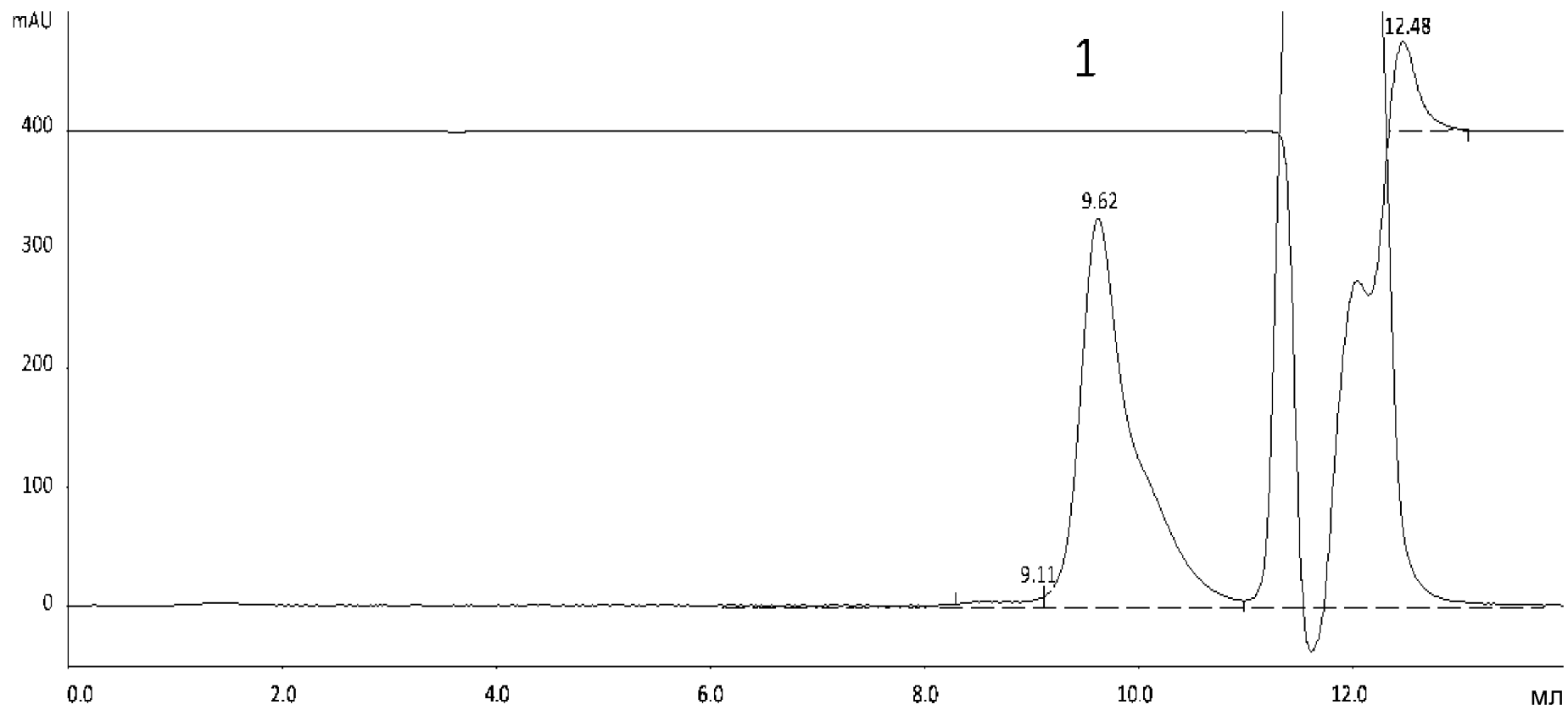
ФИГ. 13

ФИГ. 14

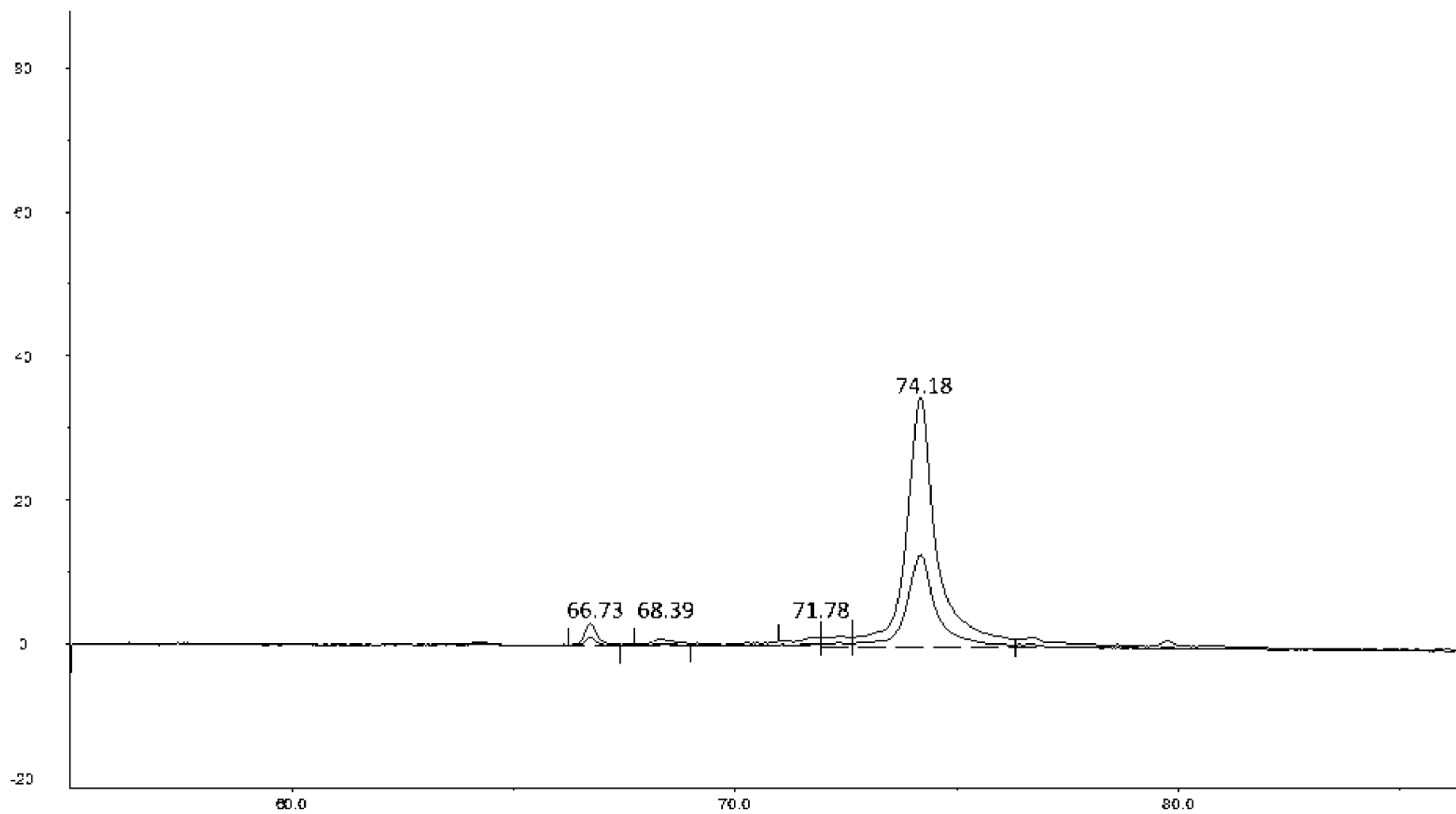




ФИГ. 15

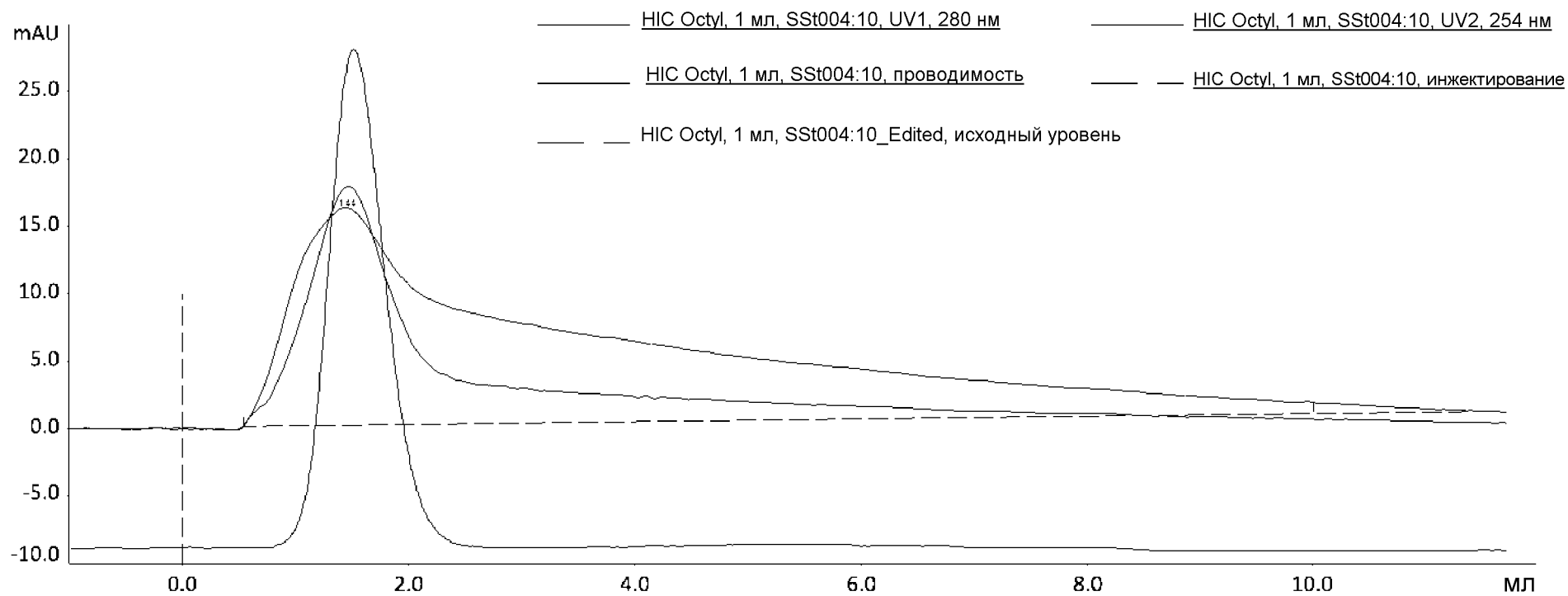


ФИГ. 16



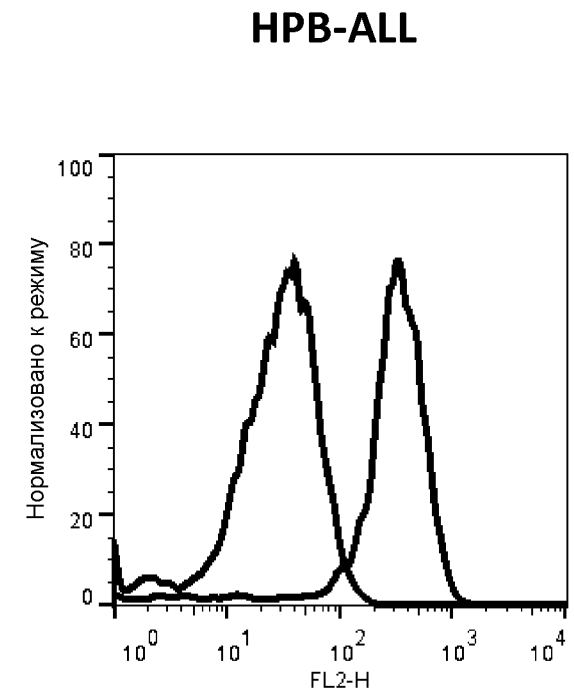
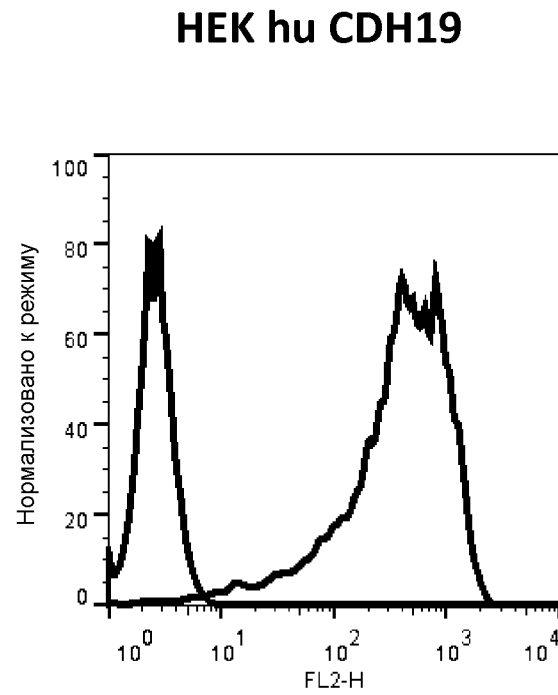
29/46

ФИГ. 17

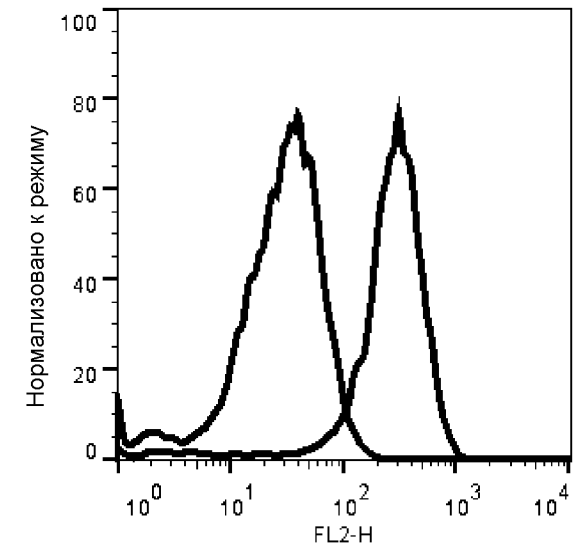
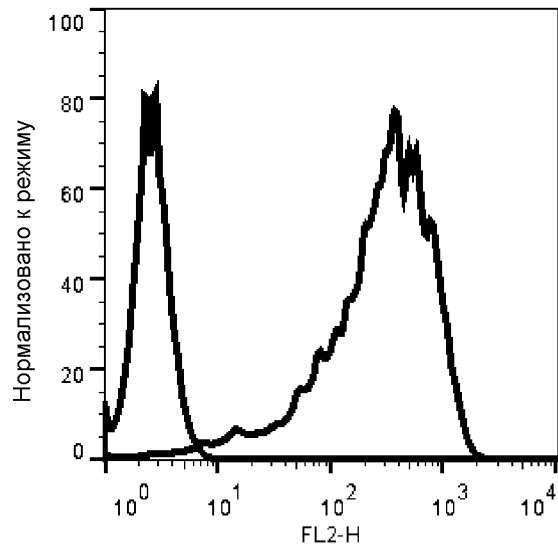


ФИГ. 18

**CH19 2G6 302 x I2C**

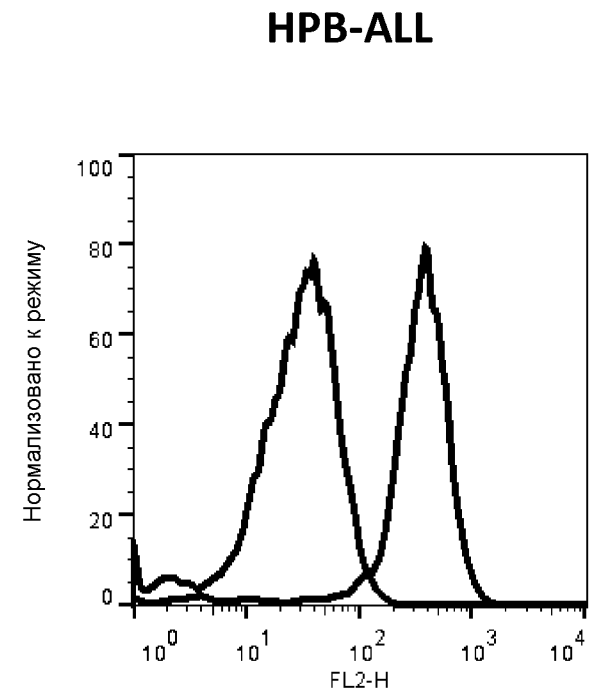
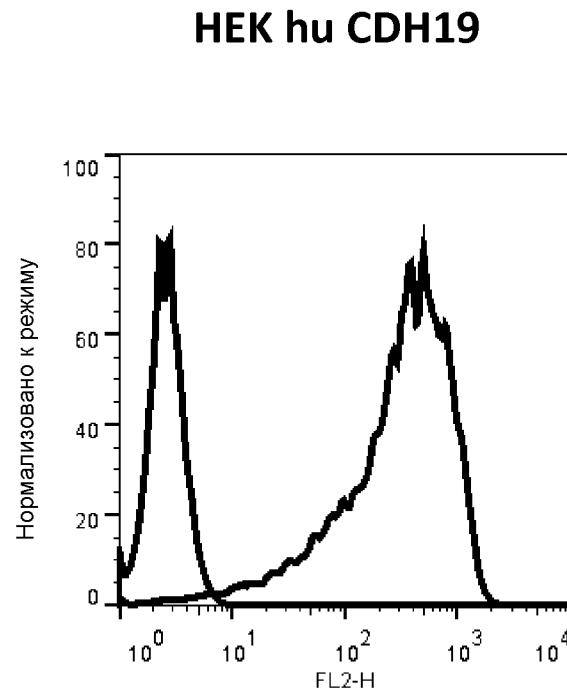


**CH19 2G6 302 CC x I2C**

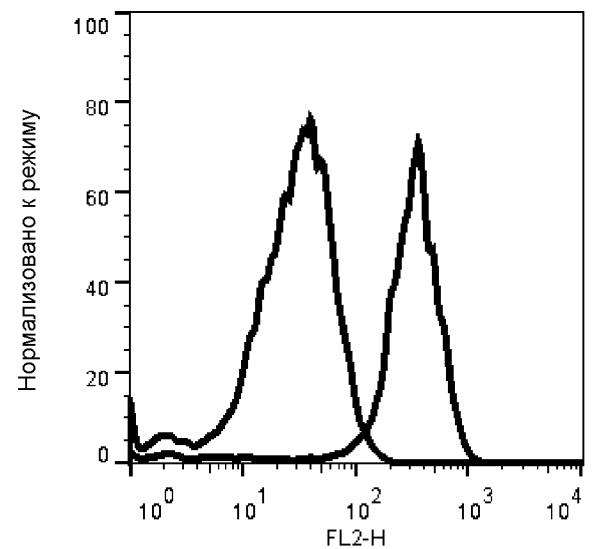
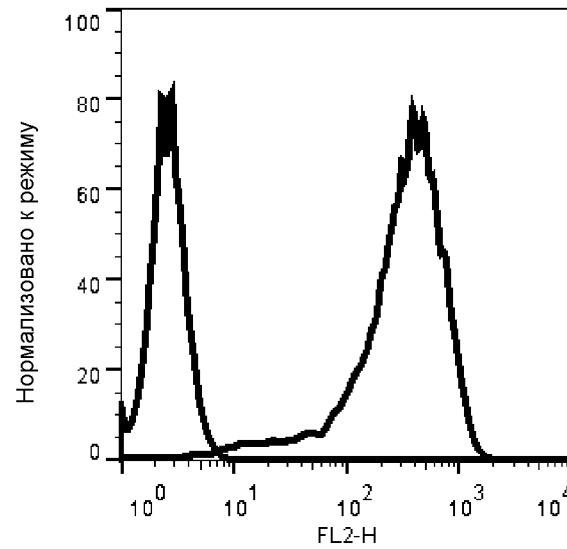


ФИГ. 19

**CH19 2G6 303 x I2C**



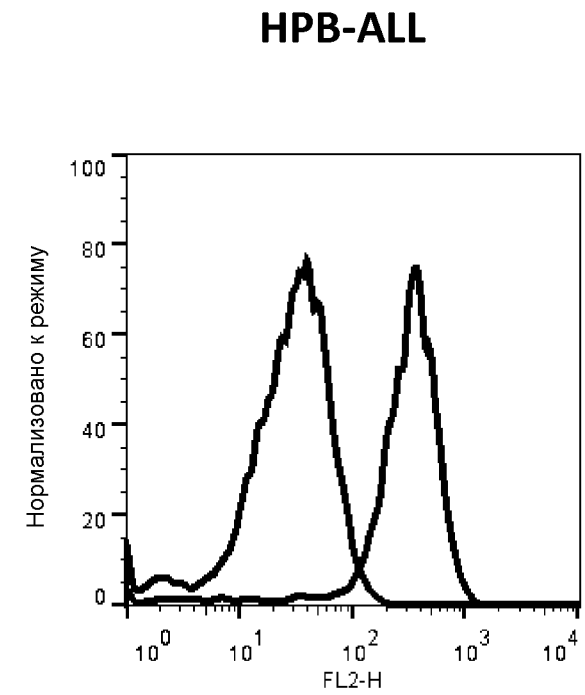
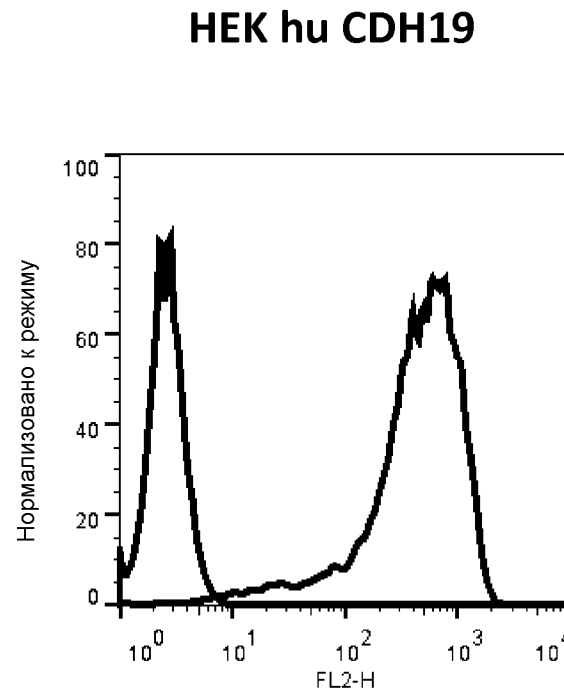
**CH19 2G6 303 CC x I2C**



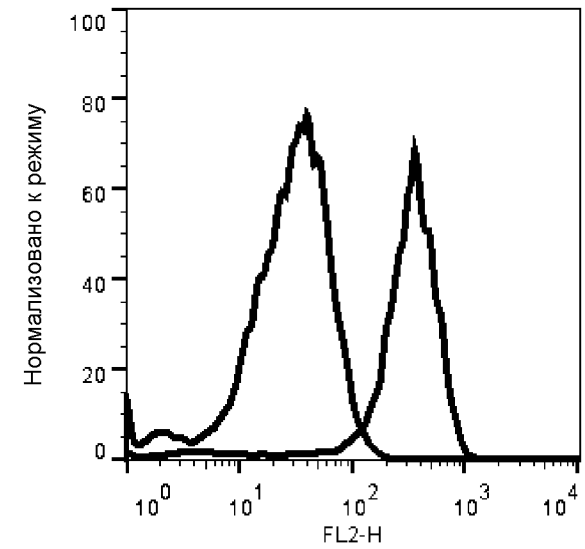
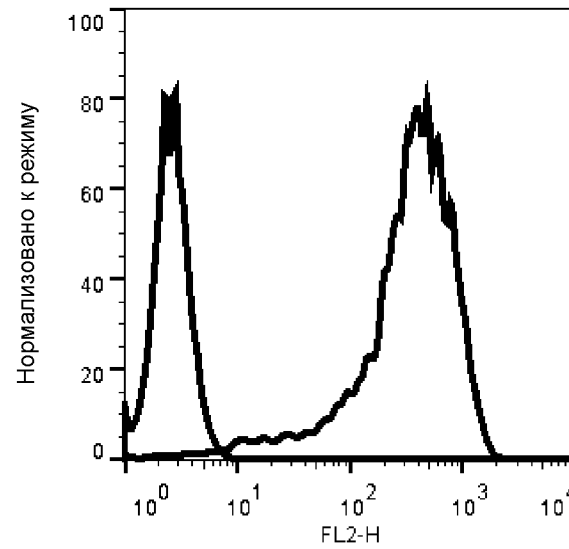
ФИГ. 19 (продолжение)



**CH19 2G6 039 x I2C**

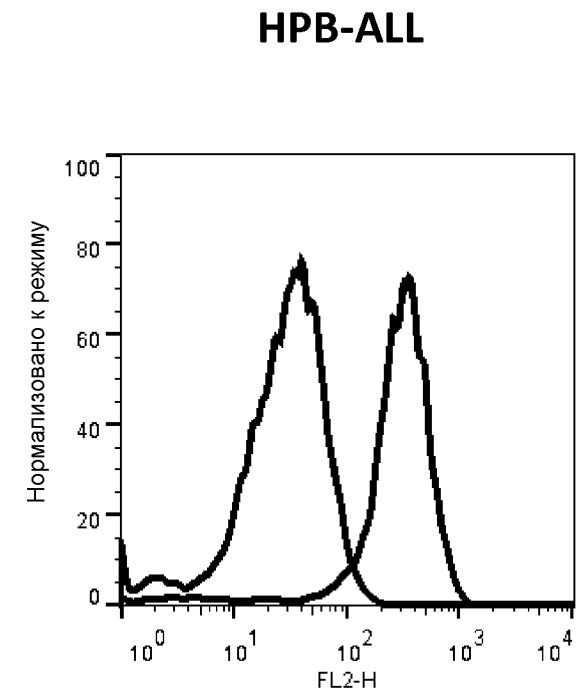
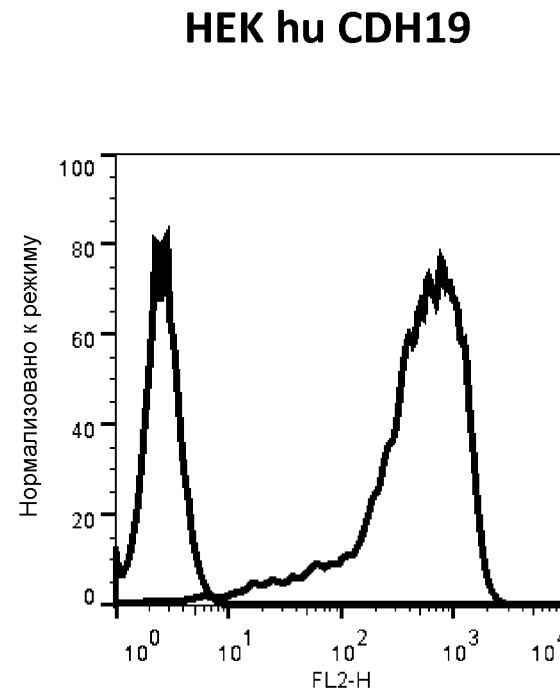


**CH19 2G6 039 CC x I2C**

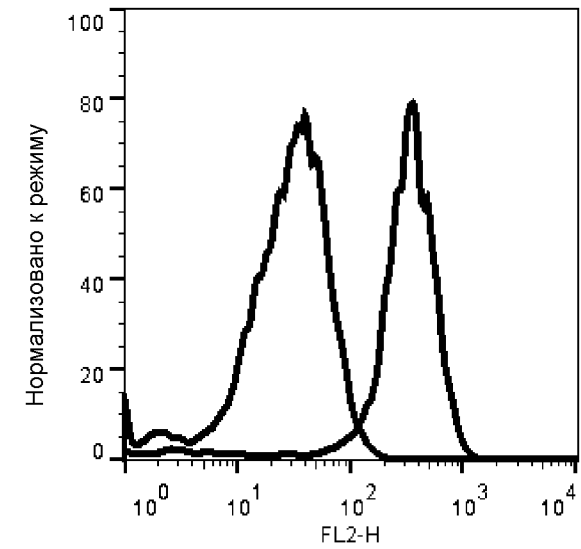
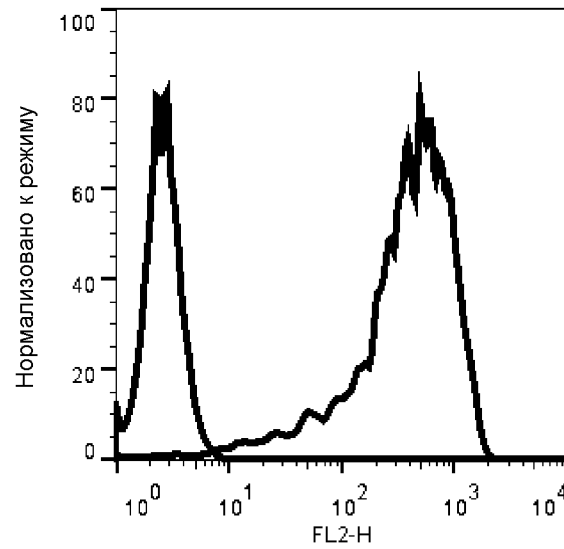


ФИГ. 19 (продолжение)

**CH19 2G6 302 x F12q0**



**CH19 2G6 302 CC x F12q0**

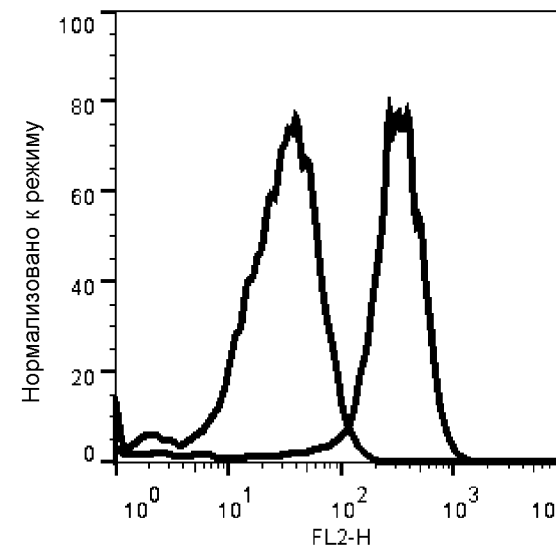
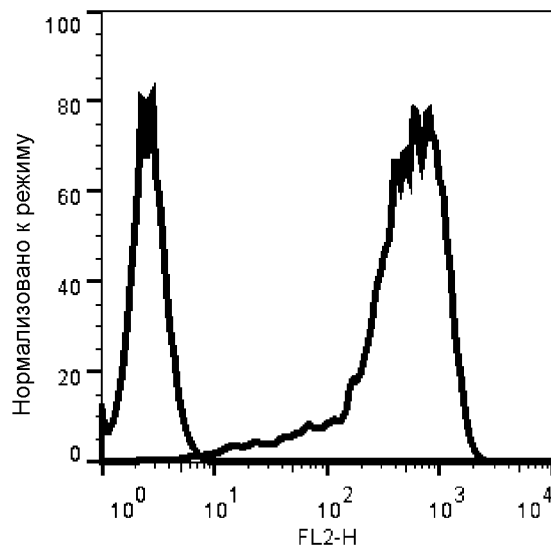


ФИГ. 19 (продолжение)

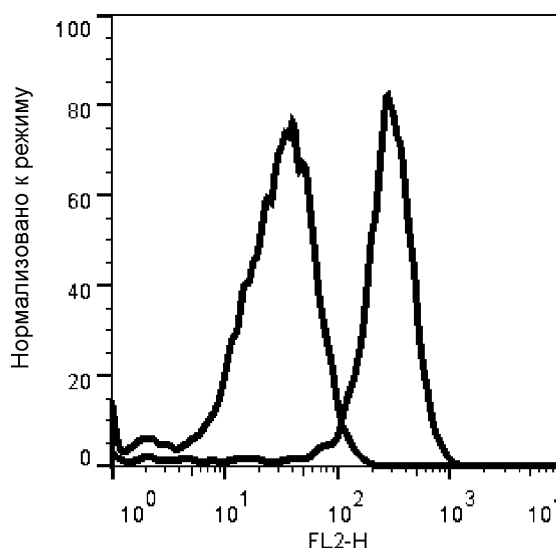
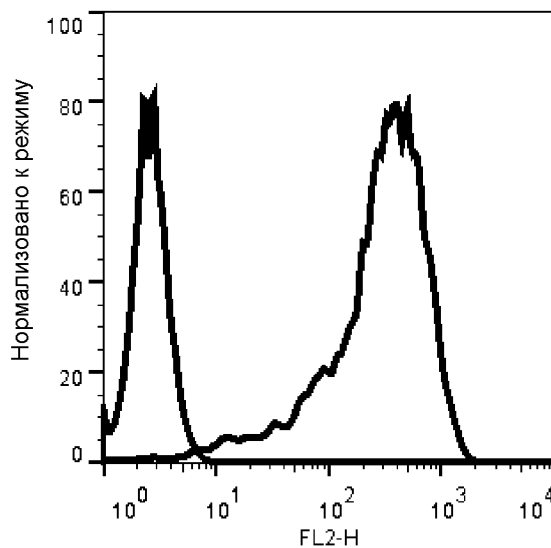
HEK hu CDH19

HPB-ALL

CH19 2G6 303 x F12q0



CH19 2G6 303 CC x F12q0

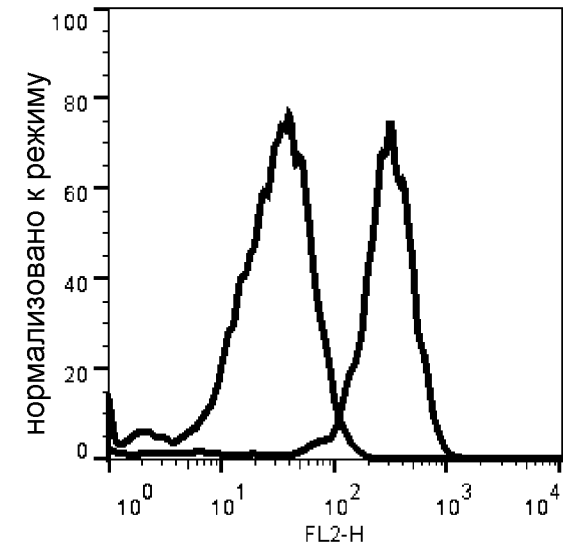
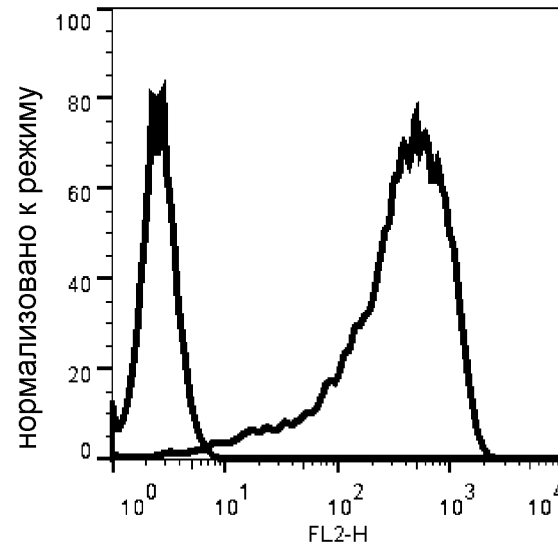


ФИГ. 19 (продолжение)

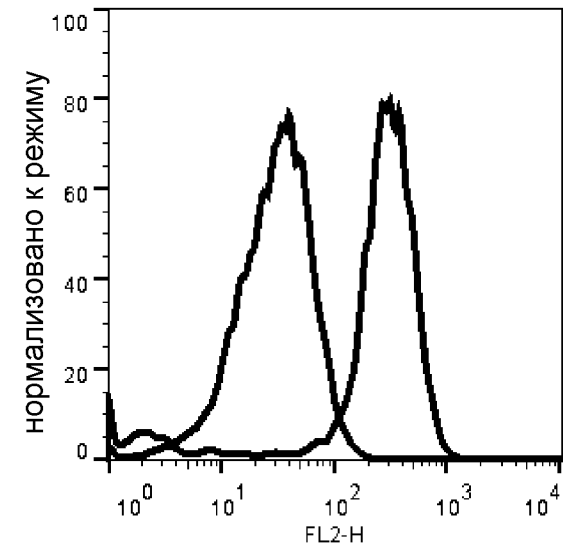
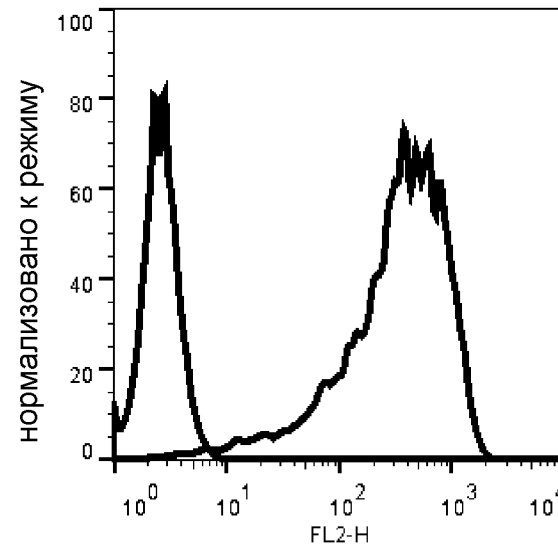
HEK hu CDH19

HPB-ALL

CH19 2G6 039 x F12q0

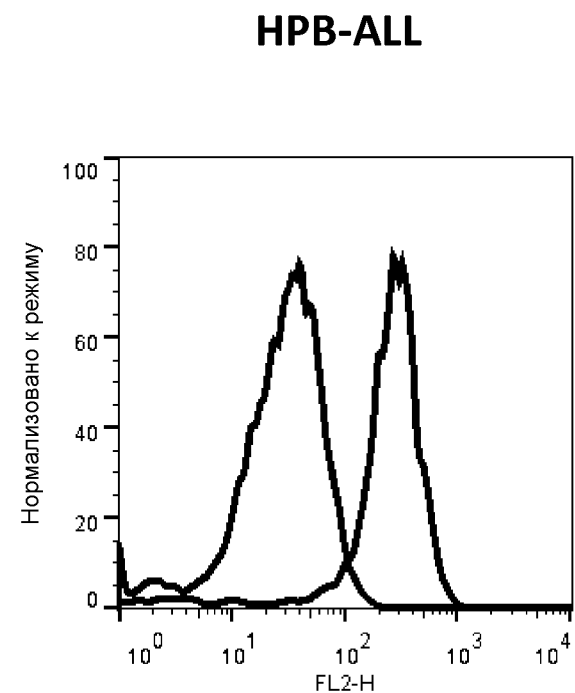
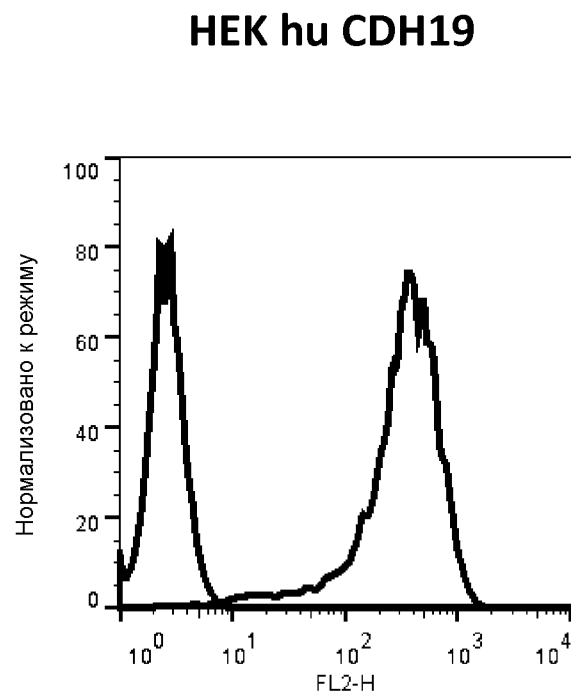


CH19 2G6 039 CC x F12q0

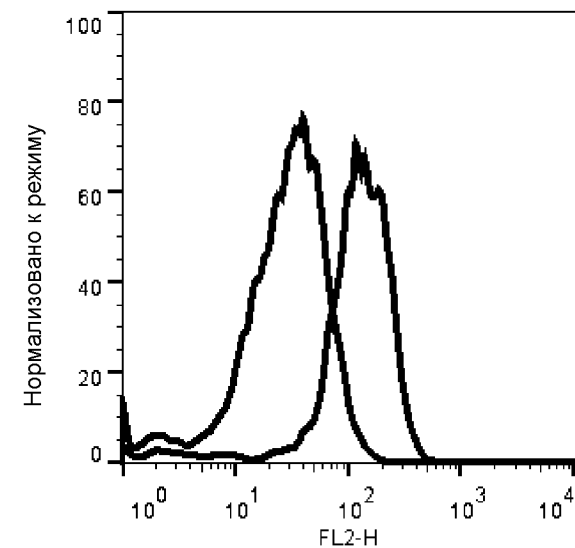
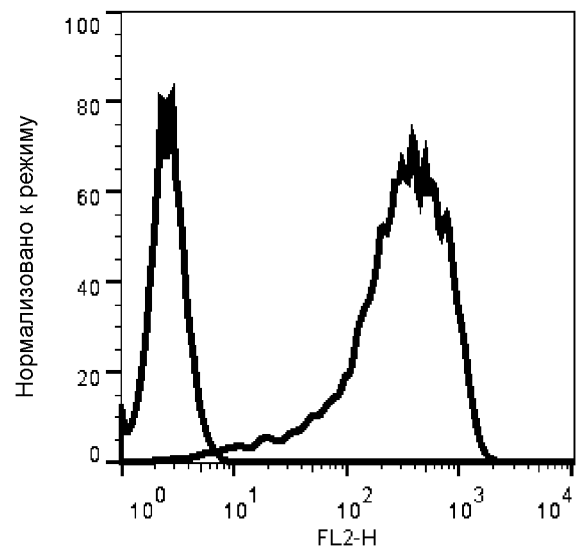


ФИГ. 19 (продолжение)

**CH19 21-2G6 302 x I2C**

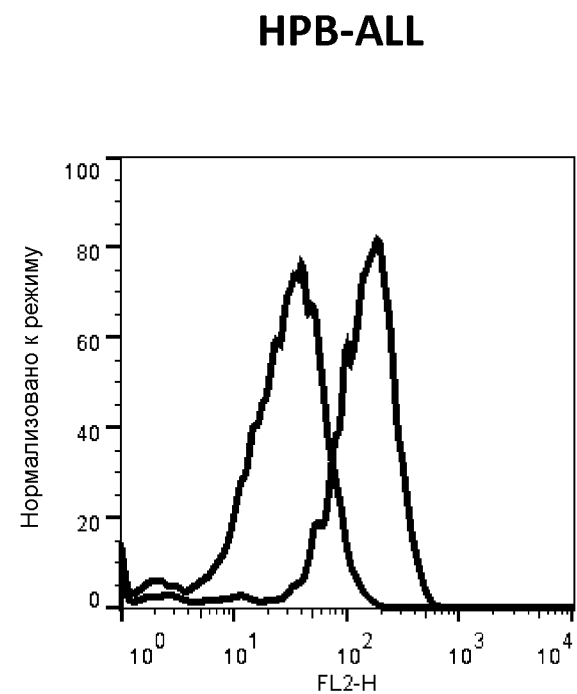
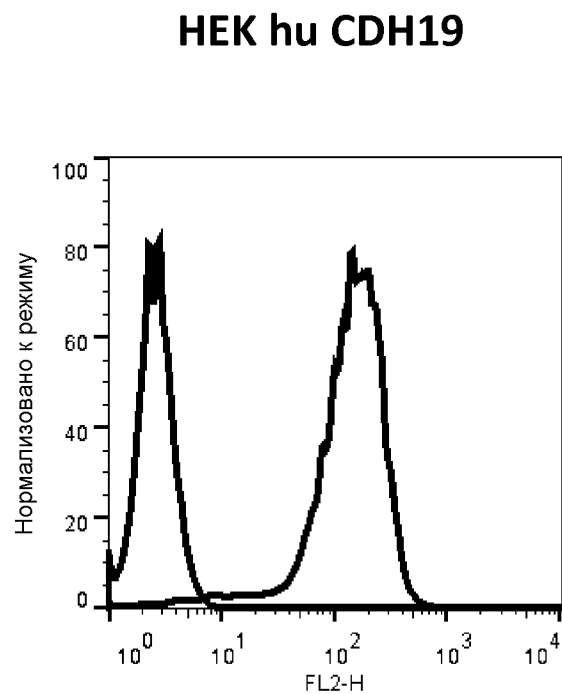


**CH19 21-2G6 302 CC x I2C**

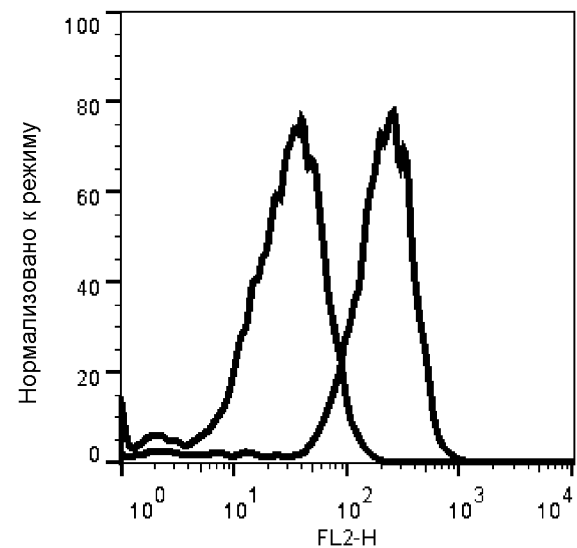
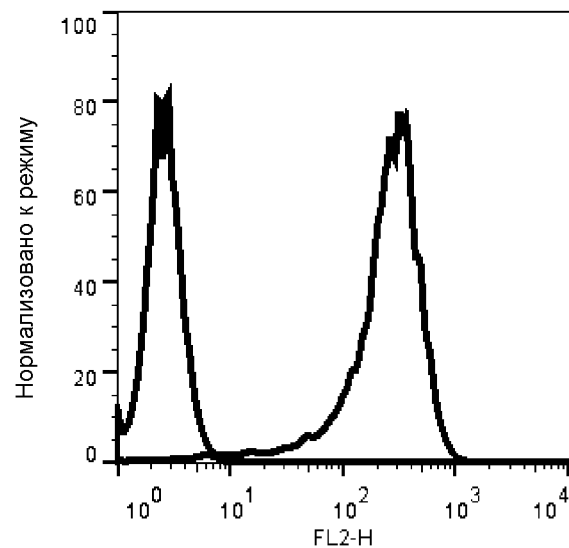


ФИГ. 19 (продолжение)

**CH19 21-2G6 039 x I2C**

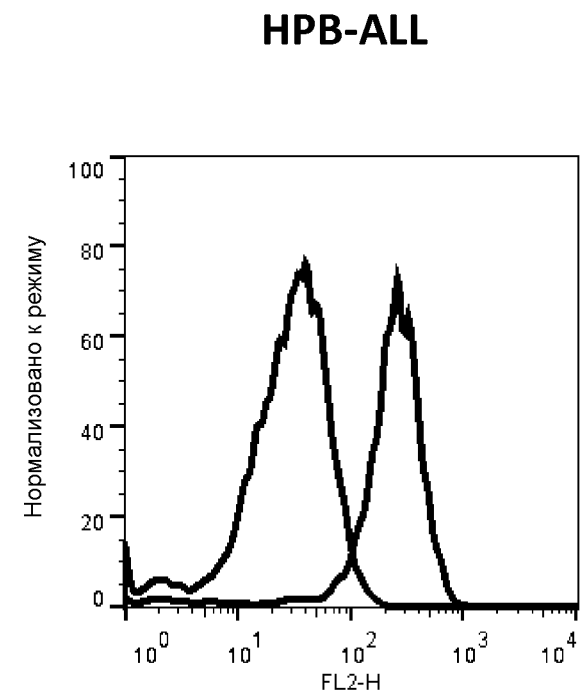
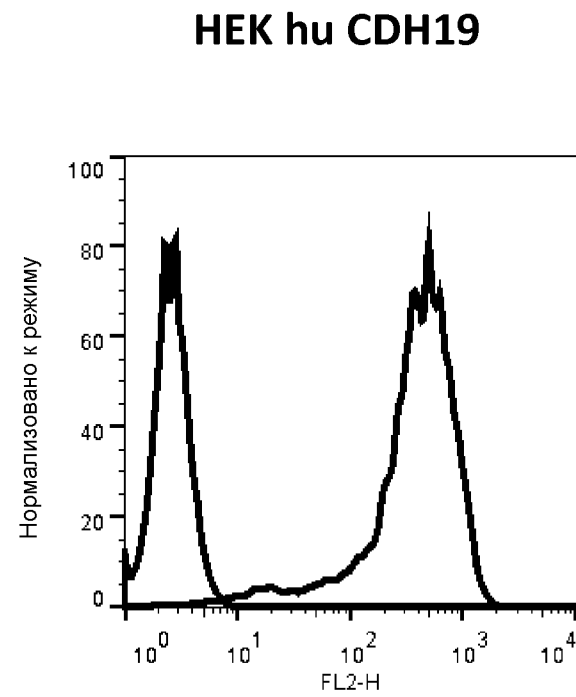


**CH19 21-2G6 039 CC x I2C**

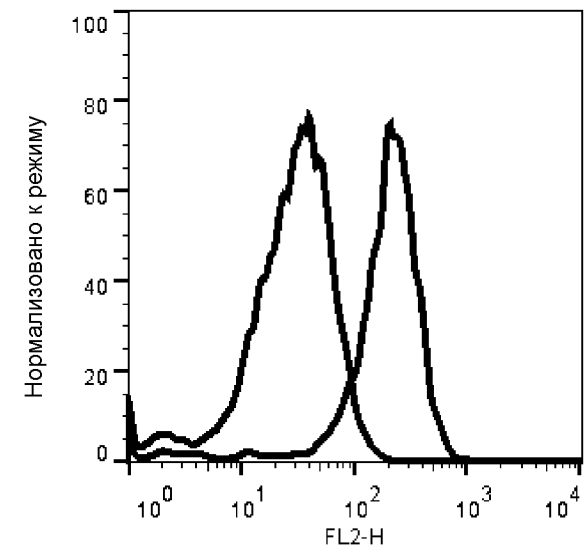
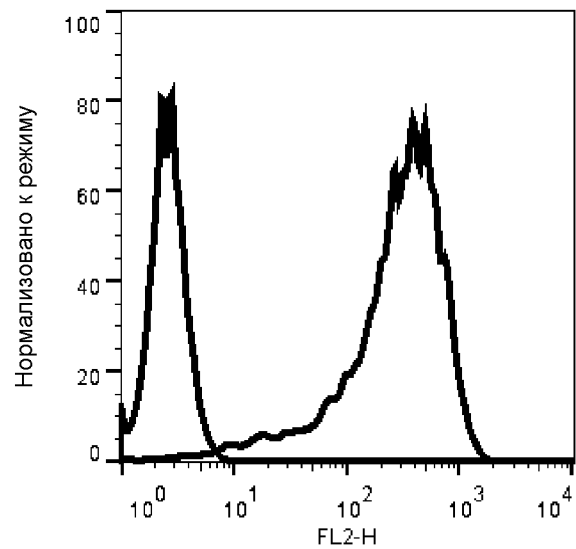


ФИГ. 19 (продолжение)

**CH19 2G6 302 x I2C21**

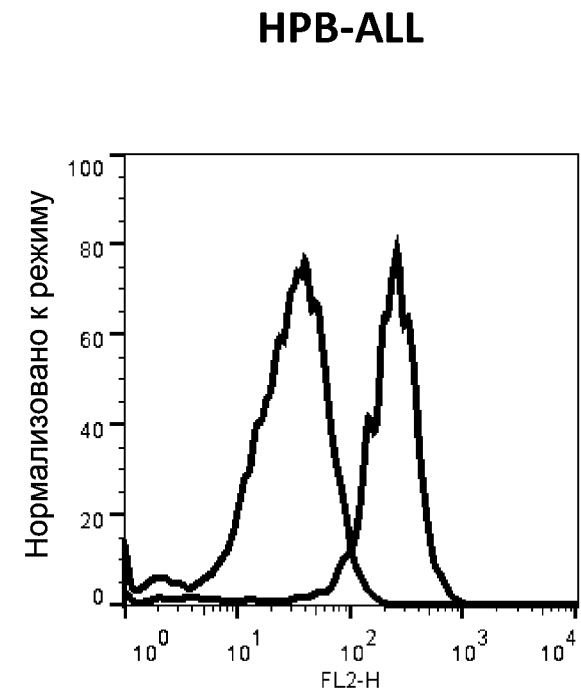
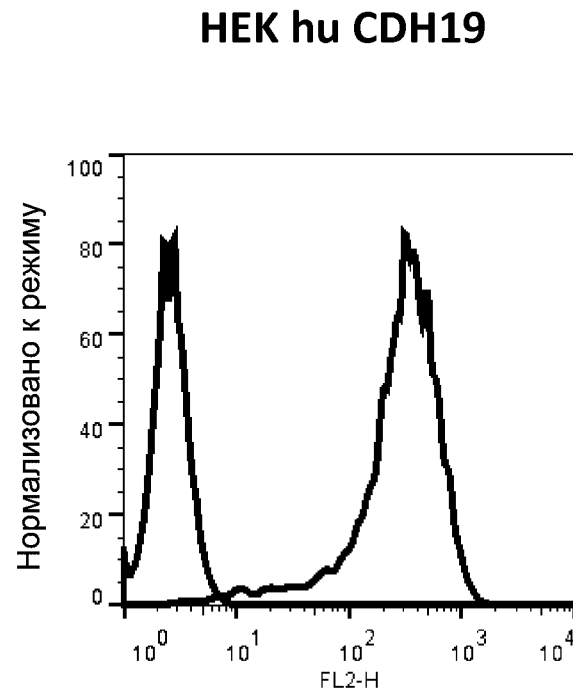


**CH19 2G6 302 CC x I2C21**

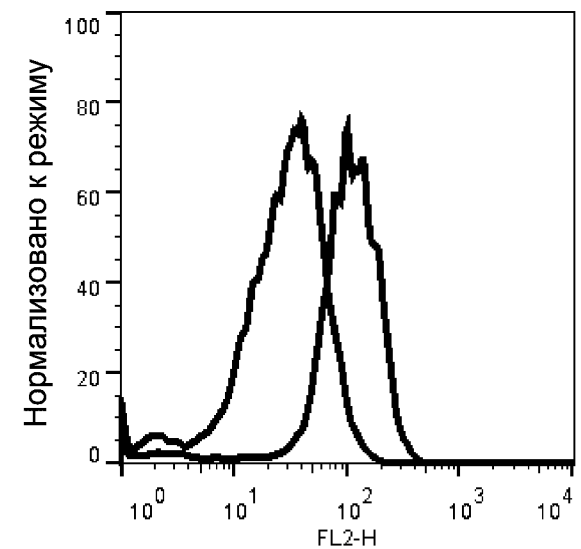
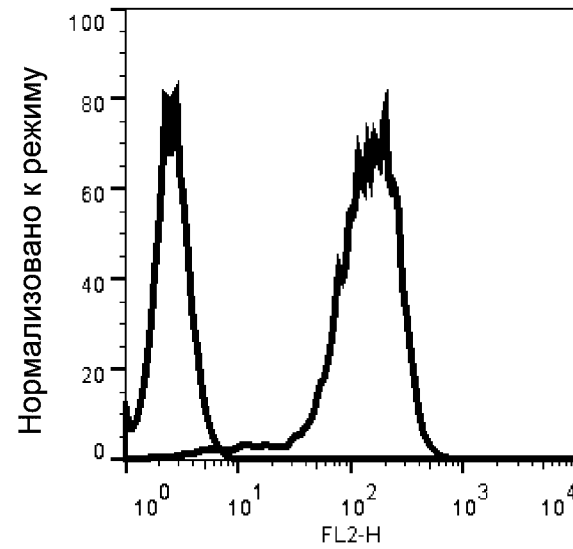


ФИГ. 19 (продолжение)

**CH19 2G6 303 x I2C21**



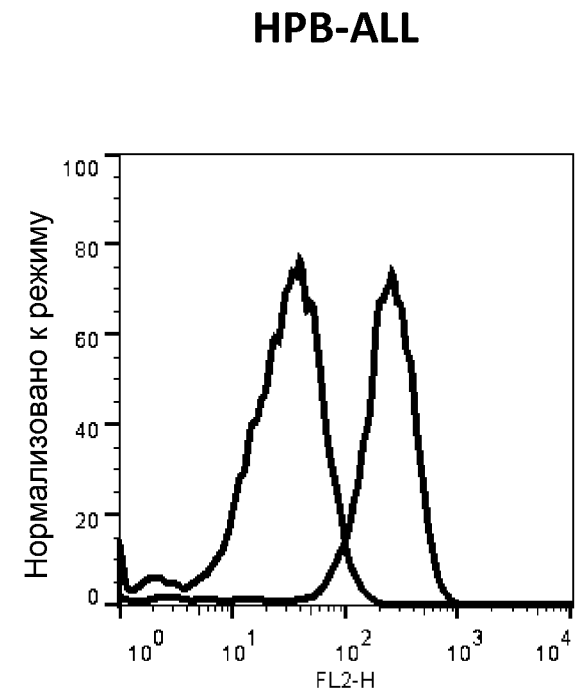
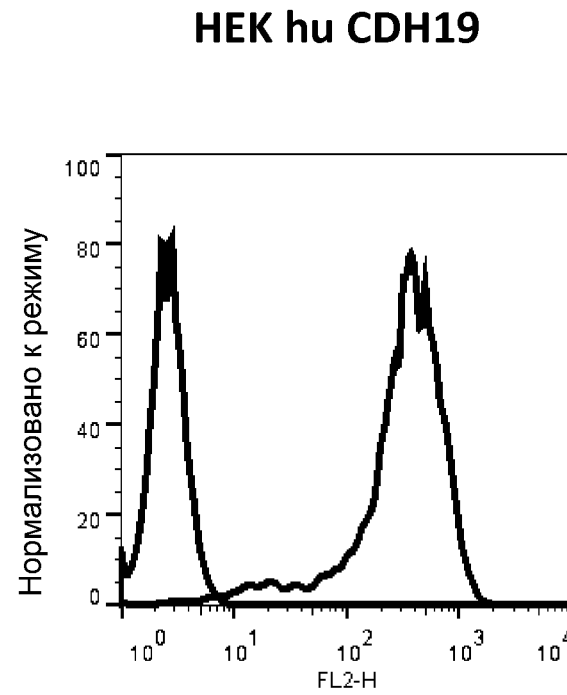
**CH19 2G6 303 CC x I2C21**



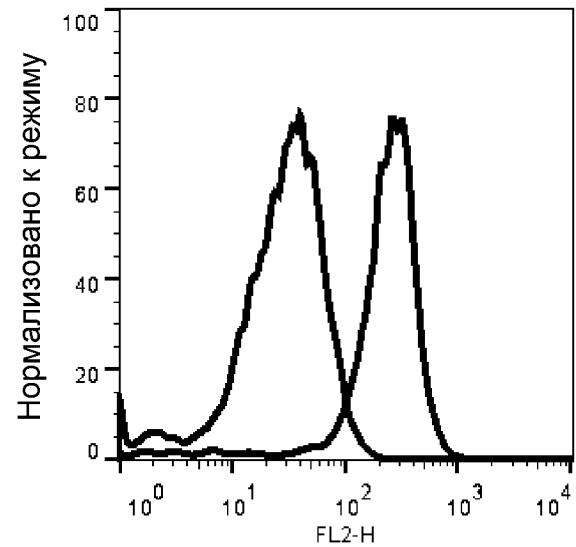
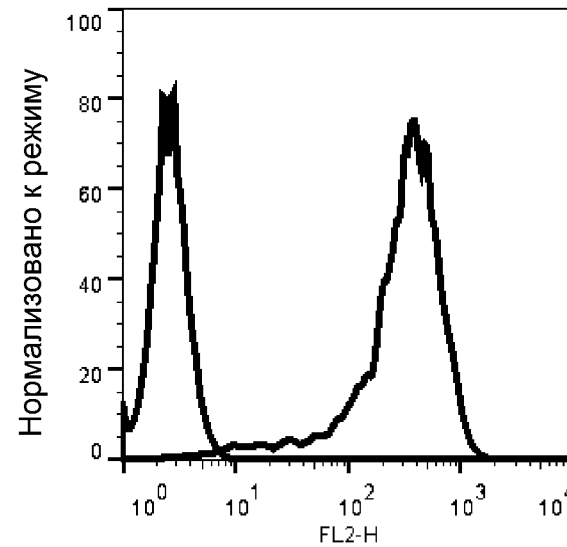
ФИГ. 19 (продолжение)



**CH19 2G6 039 x I2C21**



**CH19 2G6 039 CC x I2C21**

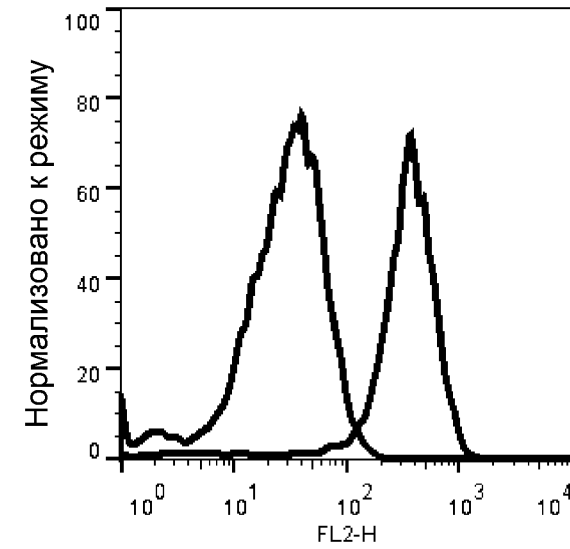
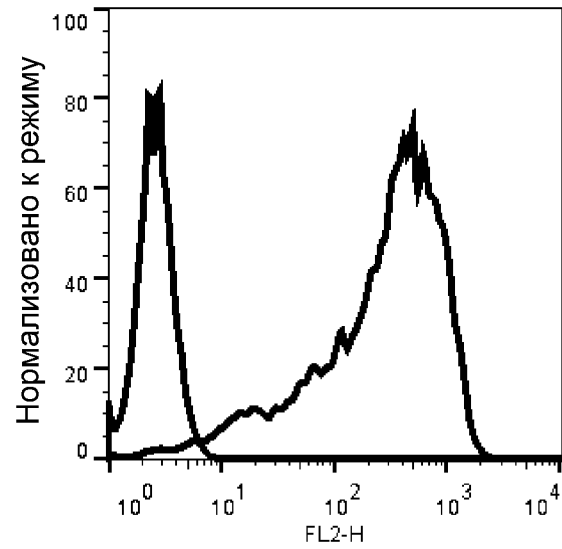


ФИГ. 19 (продолжение)

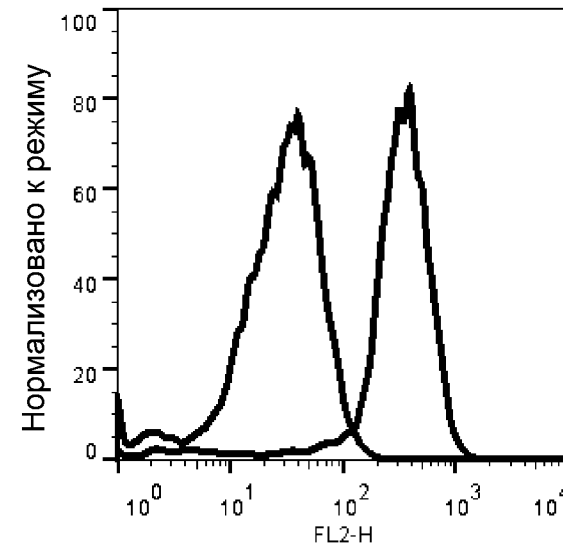
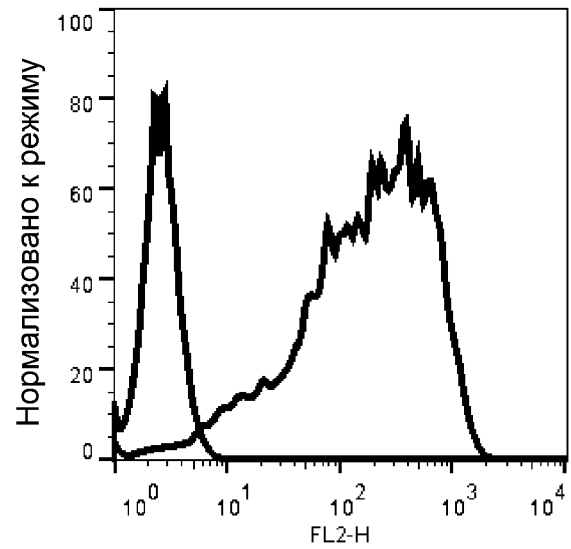
**HEK hu CDH19**

**HPB-ALL**

**CH19 2G6 302 x I2C x FcBY**



**CH19 2G6 302 CC x I2C x FcBY**

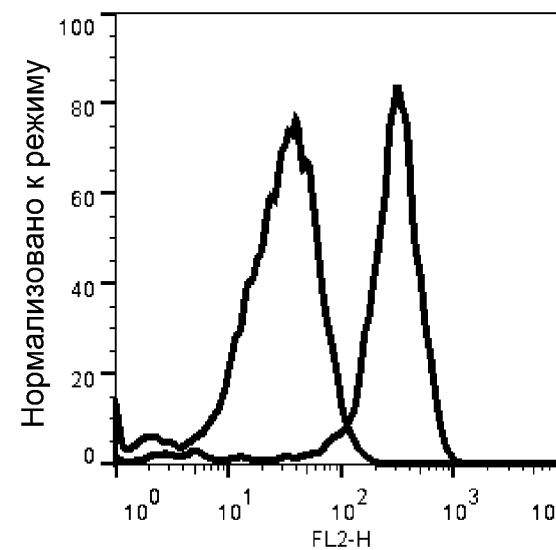
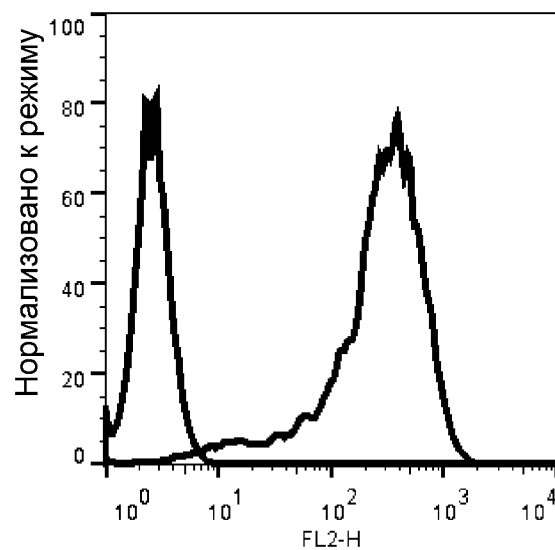


ФИГ. 19 (продолжение)

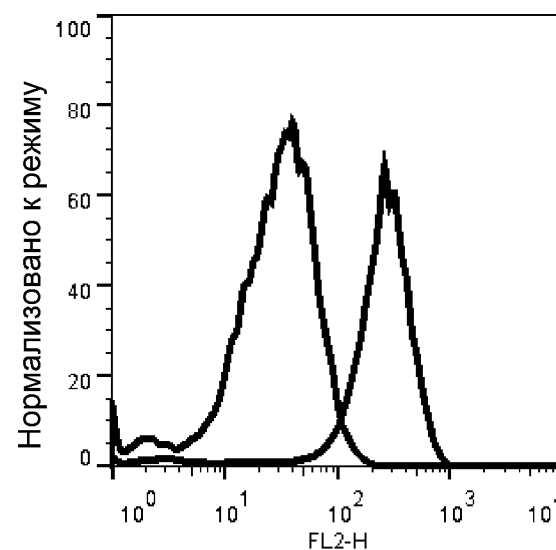
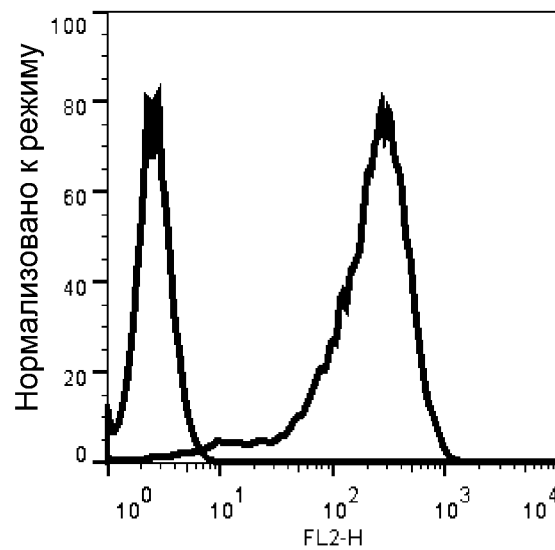
HEK hu CDH19

HPB-ALL

CH19 2G6 303 x I2C x FcBY



CH19 2G6 303 CC x I2C x FcBY

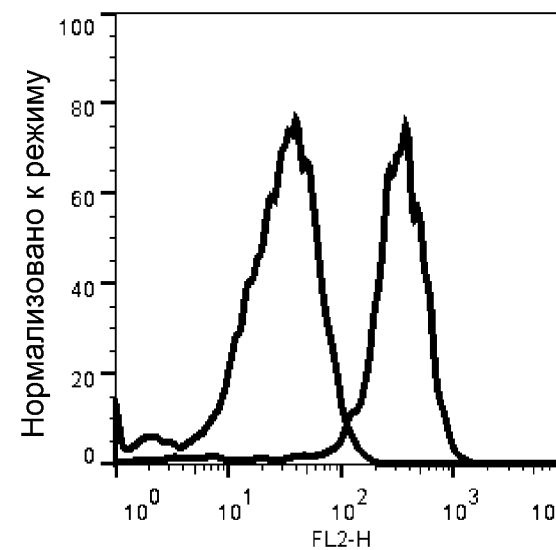
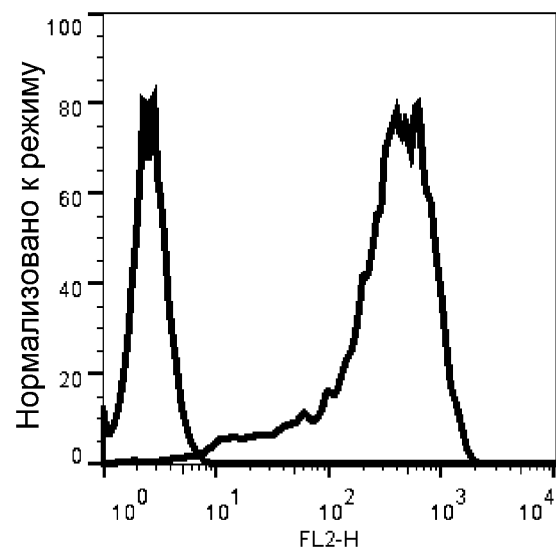


ФИГ. 19 (продолжение)

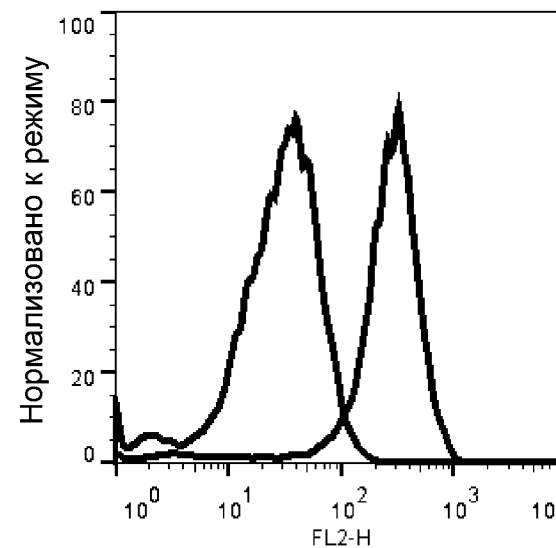
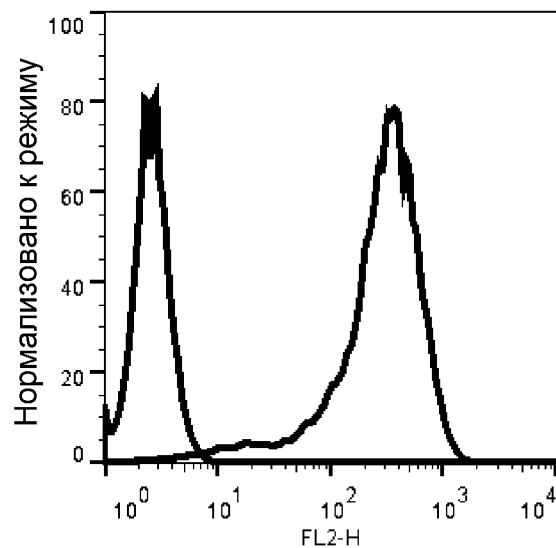
HEK hu CDH19

HPB-ALL

CH19 2G6 039 x I2C x FcBY

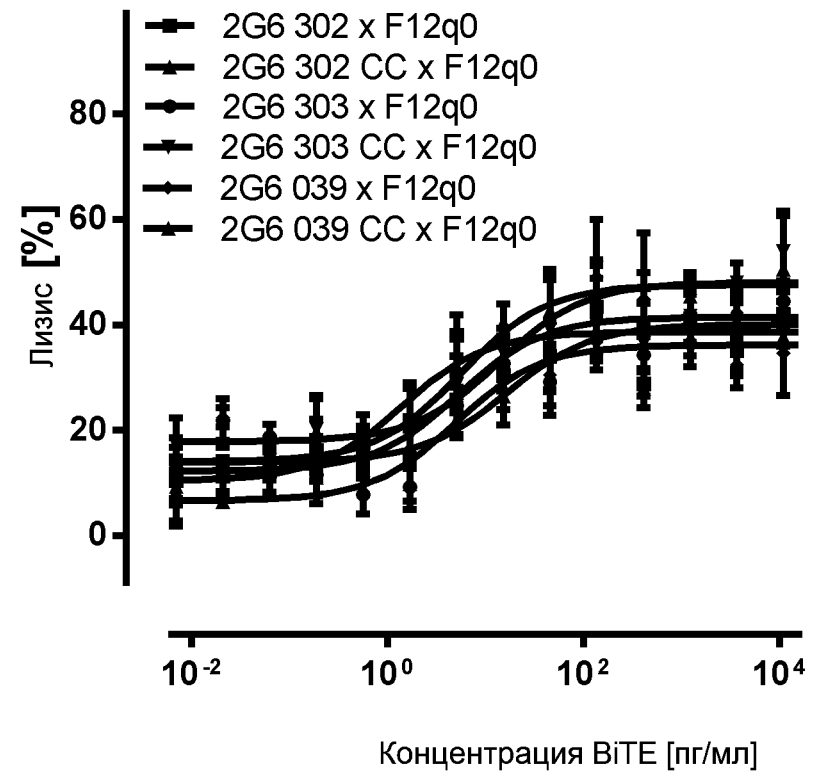
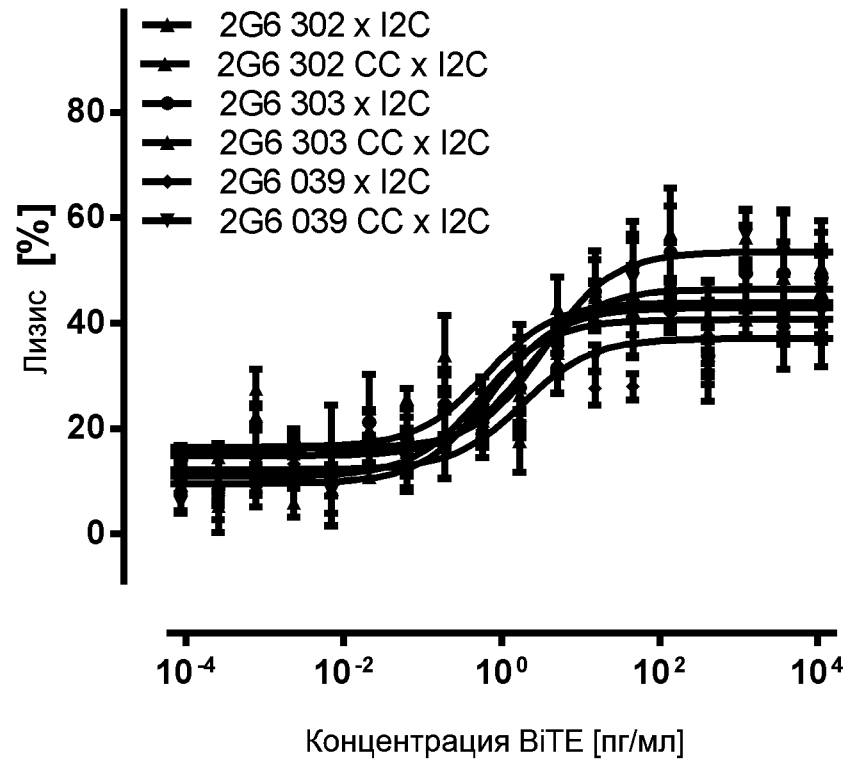


CH19 2G6 039 CC x I2C x FcBY



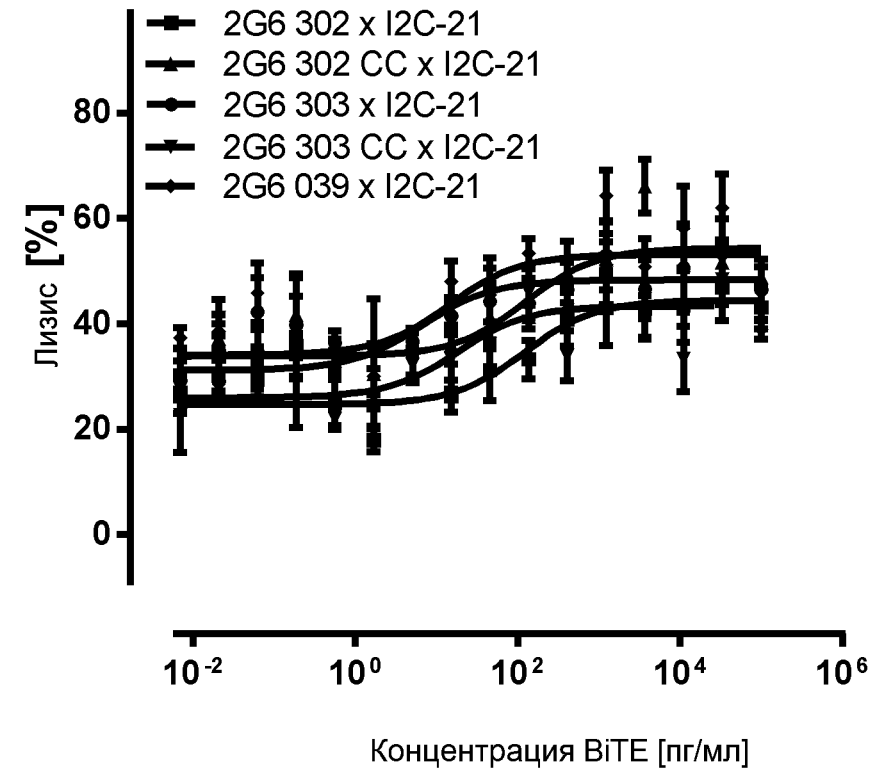
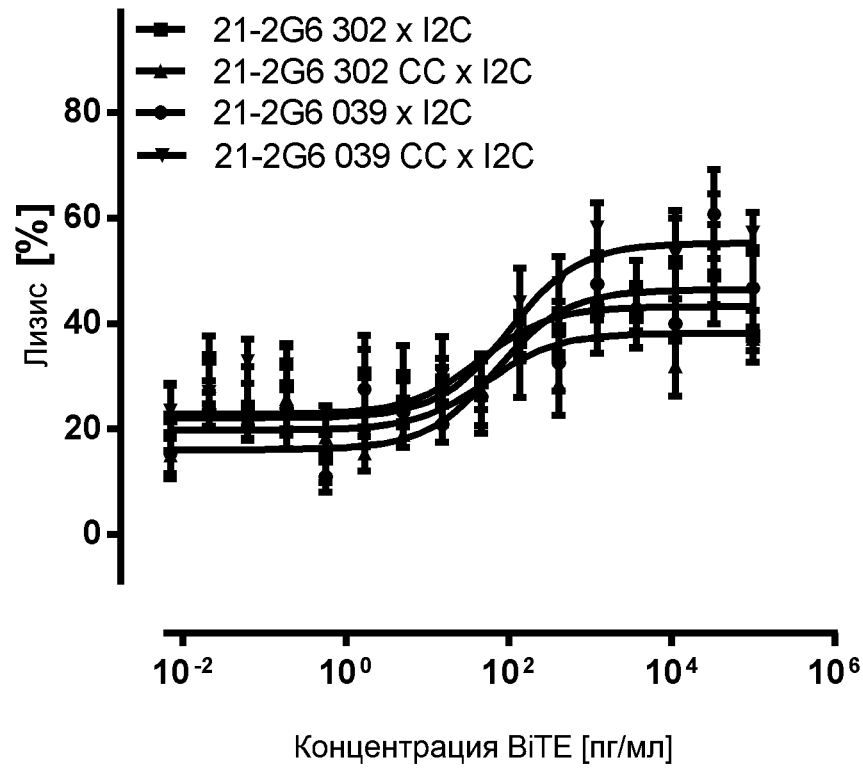
ФИГ. 19 (продолжение)

# HEK hu CDH19



ФИГ. 20

# HEK hu CDH19



ФИГ. 20 (продолжение)