

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公表特許公報(A)

(11) 特許出願公表番号

特表2005-533493

(P2005-533493A)

(43) 公表日 平成17年11月10日(2005.11.10)

(51) Int.Cl. ⁷	F I	テーマコード (参考)
C 1 2 N 15/09	C 1 2 N 15/00	Z N A A 4 B O 2 4
A 6 1 K 39/395	A 6 1 K 39/395	D 4 B O 6 4
A 6 1 P 35/00	A 6 1 K 39/395	E 4 B O 6 5
A 6 1 P 43/00	A 6 1 K 39/395	N 4 C O 8 5
C O 7 K 16/28	A 6 1 K 39/395	T 4 H O 4 5
	審査請求 未請求 予備審査請求 有	(全 107 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願2004-513434 (P2004-513434)	(71) 出願人	502103829
(86) (22) 出願日	平成15年6月12日 (2003.6.12)		イムノージェン インコーポレーテッド
(85) 翻訳文提出日	平成17年2月4日 (2005.2.4)		アメリカ合衆国 O 2 1 3 9 マサチュー
(86) 国際出願番号	PCT/US2003/016211		セッツ州, ケンブリッジ, シドニー スト
(87) 国際公開番号	W02003/106621		リート 1 2 8
(87) 国際公開日	平成15年12月24日 (2003.12.24)	(74) 代理人	100091096
(31) 優先権主張番号	10/170,390		弁理士 平木 祐輔
(32) 優先日	平成14年6月14日 (2002.6.14)	(74) 代理人	100096183
(33) 優先権主張国	米国 (US)		弁理士 石井 貞次
		(74) 代理人	100118773
			弁理士 藤田 節
		(74) 代理人	100111741
			弁理士 田中 夏夫

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 抗 I G F - I 受容体抗体

(57) 【要約】

インスリン様増殖因子-I受容体と特異的に結合しかつ阻害し、IGF-I、IGF-IIおよび血清の腫瘍細胞の増殖および生存に対する効果に拮抗し、かつ作動薬活性を実質的に欠く抗体、ヒト化抗体、再表面形成された抗体、抗体フラグメント、誘導体化抗体、および上記物質の細胞傷害薬とのコンジュゲート。上記抗体およびそのフラグメントは増加したIGF-I受容体を発現する腫瘍、例えば乳癌、大腸癌、肺癌、前立腺癌、卵巣癌、滑膜癌、骨肉腫および膀胱癌の治療に利用することができるし、また上記の誘導体化した抗体はIGF-I受容体の増強したレベルを発現する腫瘍の診断およびイメージングに利用することができる。

【特許請求の範囲】

【請求項 1】

インスリン様増殖因子-I受容体 (IGF-IR) と特異的に結合する抗体または抗体フラグメントであって、上記受容体の拮抗薬でありかつ上記受容体に対する作動薬活性を実質的に欠くことを特徴とする上記抗体または抗体フラグメント。

【請求項 2】

再表面形成されている、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 3】

ヒトであるかまたはヒト化されている、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 4】

インスリン様増殖因子-I受容体と特異的に結合する抗体または抗体フラグメントであって、血清、インスリン様増殖因子-Iおよびインスリン様増殖因子-IIからなる群から選択される増殖刺激因子の存在のもとで癌細胞の増殖を約80%より大きく阻害することができる上記抗体または抗体フラグメント。

【請求項 5】

上記細胞がヒト癌細胞である、請求項 4 に記載の抗体。

【請求項 6】

少なくとも1つの相補性決定領域を含み、上記相補性決定領域が配列番号 1 ~ 6 :

SYWMH (配列番号 1)、

EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、

GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3)、

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、

KVSNRFS (配列番号 5)、

FQGSHPPT (配列番号 6) からなる群から選択される1つのアミノ酸配列を有する抗体または抗体フラグメント。

【請求項 7】

少なくとも1つの重鎖および少なくとも1つの軽鎖を含み、上記重鎖が配列番号 1 ~ 3 :

SYWMH (配列番号 1)、

EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、

GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3)

によりそれぞれ表される3つの連続的な相補性決定領域を含み、かつ

上記軽鎖が配列番号 4 ~ 6 :

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、

KVSNRFS (配列番号 5)、

FQGSHPPT (配列番号 6)

によりそれぞれ表される3つの連続的な相補性決定領域を含むことを特徴とする抗体または抗体フラグメント。

【請求項 8】

上記重鎖が配列番号 7 :

QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKRPGQGLEWIGEINPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAY
MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGAGTTTVTVSS (配列番号 7)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも90%配列同一性を有する、請求項 7 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 9】

上記重鎖が配列番号 7 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも95%配列同一性を有する、請求項 8 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 10】

上記重鎖が配列番号 7 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 8 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 11】

10

20

30

40

50

上記軽鎖が配列番号 8 :

DVLTMTQTPLSLPVS LGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGSGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 8)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも 90% 配列同一性を有する、請求項 7 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 12】

上記軽鎖が配列番号 8 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも 95% 配列同一性を有する、請求項 11 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 13】

上記軽鎖が配列番号 8 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 11 に記載の抗体または抗体フラグメント。 10

【請求項 14】

少なくとも 1 つの相補性決定領域を含み、上記相補性決定領域が配列番号 1 ~ 6 :

SYWMH (配列番号 1)、

EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、

GRPDYYGSSKWFYFDV (配列番号 3)、

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、

KVSNRFS (配列番号 5)、

FQGSHPPT (配列番号 6) からなる群から選択される 1 つのアミノ酸配列を有する、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。 20

【請求項 15】

少なくとも 1 つの重鎖および少なくとも 1 つの軽鎖を含み、上記重鎖が配列番号 1 ~ 3 :

SYWMH (配列番号 1)、

EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、

GRPDYYGSSKWFYFDV (配列番号 3)

によりそれぞれ表される 3 つの連続的な相補性決定領域を含み、かつ

上記軽鎖が配列番号 4 ~ 6 :

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、

KVSNRFS (配列番号 5)、

FQGSHPPT (配列番号 6) 30

によりそれぞれ表される 3 つの連続的な相補性決定領域を含むことを特徴とする、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 16】

上記抗体が配列番号 7 :

QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKRPGQGLEWIGEINPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWFYFDVWGAGTTVTSS (配列番号 7)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも 90% 配列同一性を有する重鎖を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 17】

上記重鎖が配列番号 7 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも 95% 配列同一性を有する、請求項 16 に記載の抗体または抗体フラグメント。 40

【請求項 18】

上記重鎖が配列番号 7 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 16 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 19】

上記抗体が配列番号 8 :

DVLTMTQTPLSLPVS LGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGSGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 8)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも 90% 配列同一性を有する軽鎖を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。 50

【請求項 20】

上記軽鎖が配列番号 8 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも 95% 配列同一性を有する、請求項 19 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 21】

上記軽鎖が配列番号 8 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 19 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 22】

DVVMQTPTLSLPVSLGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPRLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGAGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 9) ;
DVLMTQTPTLSLPVSLGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGAGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 10) ;
DVLMTQTPTLSLPVSLGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPRLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGAGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 11) ; および
DVVMQTPTLSLPVSLGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGAGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 12) からなる群から選択される配列を有する軽鎖可変域を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 23】

配列番号 13 :

QVQLVQSGAEVVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKRPGQGLEWIGEINPSNGRTNYNQKFQGKATLTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYGGSSKWYFDVWGQGTITVTVSS (配列番号 13) により表される配列を有する重鎖可変域を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 24】

請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントおよび製薬上許容される担体を含む医薬組成物。

【請求項 25】

細胞傷害薬に連結された、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントを含むコンジュゲート。

【請求項 26】

上記細胞傷害薬がメイタンシノイド、低分子薬剤、プロドラッグ、タキソイド、CC-1065 および CC-1065 類似体からなる群から選択される、請求項 25 に記載のコンジュゲート。

【請求項 27】

請求項 26 に記載のコンジュゲートおよび製薬上許容される担体を含む医薬組成物。

【請求項 28】

上記抗体または抗体フラグメントが標識されている、請求項 24 または請求項 27 の組成物を含む診断試薬。

【請求項 29】

上記標識が放射標識、蛍光体、発色体、イメージング剤および金属イオンからなる群から選択される、請求項 28 の診断試薬。

【請求項 30】

癌細胞の増殖を阻害する方法であって、上記細胞を請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

【請求項 31】

癌患者を治療する方法であって、上記患者に請求項 1 の抗体または抗体フラグメントの有効量を投与することを含む上記方法。

【請求項 32】

さらに上記患者に治療薬を投与することを含む、請求項 31 に記載の方法。

【請求項 33】

上記治療薬が細胞傷害薬である、請求項 32 に記載の方法。

10

20

30

40

50

【請求項 3 4】

癌患者を治療する方法であって、上記患者に請求項 2 5 に記載のコンジュゲートの有効量を投与することを含む上記方法。

【請求項 3 5】

上記癌が乳癌、大腸癌、卵巣癌、骨肉腫、子宮頸癌、前立腺癌、肺癌、滑膜癌および膀胱癌からなる群から選択される癌である、請求項 3 1 に記載の方法。

【請求項 3 6】

癌の疑いがある被験者を診断する方法であって、上記被験者に請求項 2 8 に記載の診断試薬を投与するステップ；および上記被験者内の上記試薬の分布を検出するステップを含む上記方法。

10

【請求項 3 7】

上記癌が乳癌、大腸癌、卵巣癌、骨肉腫、子宮頸癌、前立腺癌、肺癌、滑膜癌および膀胱癌からなる群から選択される癌である、請求項 3 6 に記載の診断の方法。

【請求項 3 8】

インスリン様増殖因子-I受容体と特異的に結合する改良された抗体またはその抗体フラグメントであって、

(a)配列番号 1 ~ 8 :

SYWMH (配列番号 1),

EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2),

GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3),

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4),

KVSNRFS (配列番号 5),

FQGSHPPT (配列番号 6),

QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKRPGQGLEWIGEINPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAY
MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGAGTTTVSS (配列番号 7),

DVLTMTQTPSLPVSIGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNGRFSVPDRFSGSGSGTDFTLRIS
SRVEAEDLGIIYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 8);

からなる群から選択される少なくとも 1 つの配列を含む抗体またはそのフラグメントをコードする DNA を提供するステップ；

(b)上記 DNA 中に少なくとも 1 つのヌクレオチド突然変異、欠失または挿入を導入して、上記 DNA によりコードされる上記抗体または抗体フラグメントのアミノ酸配列を変えるステップ；

(c)上記抗体または抗体フラグメントを発現するステップ；

(d)上記発現された抗体または抗体フラグメントを上記改良についてスクリーニングしてそれにより上記改良された抗体またはその抗体フラグメントを調製するステップ、により調製される上記改良された抗体またはその抗体フラグメント。

30

【請求項 3 9】

上記改良が IGF-I 受容体との親和性の増加である、請求項 3 8 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 4 0】

上記少なくとも 1 つのヌクレオチド突然変異、欠失または挿入を、オリゴヌクレオチドが媒介する位置指定突然変異誘発、カセット変異誘発、誤りがちな PCR、DNA シャッフリング、または大腸菌 (*E. coli*) の突然変異体株の使用からなる群から選択される方法により行うことを特徴とする、請求項 3 8 に記載の抗体または抗体フラグメント。

40

【請求項 4 1】

請求項 6、7、8 または 1 1 のいずれか 1 項に記載の抗体または抗体フラグメントをコードするポリヌクレオチド。

【請求項 4 2】

請求項 6、7、8 または 1 1 のいずれか 1 項に記載の抗体または抗体フラグメントの軽または重鎖をコードするポリヌクレオチド。

50

【請求項 4 3】

請求項 4 1 のポリヌクレオチドを含むベクター。

【請求項 4 4】

請求項 4 2 のポリヌクレオチドを含むベクター。

【請求項 4 5】

上記抗体または抗体フラグメントを発現することができる発現ベクターである、請求項 4 3 に記載のベクター。

【請求項 4 6】

上記抗体または抗体フラグメントを発現することができる発現ベクターである、請求項 4 4 に記載のベクター。

10

【請求項 4 7】

ATCC (American Type Culture Collection) に受託番号 PTA-4457 として寄託されているハイブリドーマ細胞系統により産生されるマウス抗体 EM164、またはインスリン様増殖因子-I 受容体と特異的に結合するそのエピトープ結合フラグメントであって、上記受容体の拮抗薬でありかつ上記受容体に対する作動薬活性を実質的に欠くことを特徴とする上記抗体またはフラグメント。

【請求項 4 8】

ATCC (American Type Culture Collection) に受託番号 PTA-4457 として寄託されているハイブリドーマ細胞系統により産生される EM164 から誘導されたヒト化または再表面形成した抗体、またはインスリン様増殖因子-I 受容体と特異的に結合するそのエピトープ結合フラグメントであって、上記受容体の拮抗薬でありかつ上記受容体に対する作動薬活性を実質的に欠くことを特徴とする上記抗体またはフラグメント。

20

【請求項 4 9】

上記 IGF-IR がヒト IGF-IR である、請求項 1 に記載の抗体またはフラグメント。

【請求項 5 0】

ATCC (American Type Culture Collection) に受託番号 PTA-4457 として寄託されているハイブリドーマ細胞系統 EM164。

【請求項 5 1】

細胞のアポトーシスを誘導する方法であって、上記細胞を請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

30

【請求項 5 2】

細胞のアポトーシスを誘導する方法であって、上記細胞を請求項 4 7 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

【請求項 5 3】

細胞のアポトーシスを誘導する方法であって、上記細胞を請求項 4 8 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

【請求項 5 4】

上記細胞が癌細胞である、請求項 5 1、5 2 または 5 3 に記載の方法。

【請求項 5 5】

抗体または抗体フラグメントが、

40

a) 上記 IGF-IR を活性化することなく IGF-IR の細胞機能を阻害する特性；

b) 血清の存在のもとで少なくとも 80% だけ腫瘍細胞増殖を阻害する特性；

c) IGF-IR と 0.3×10^{-9} M 以下の K_D で結合する特性；

d) IGF-I の IGF-IR との結合を阻害する特性；

e) IGF-I が媒介する IGF-IR による細胞シグナル伝達を阻害する特性；

f) IGF-I が誘導する IGF-IR リン酸化を阻害する特性；

g) IGF-I および IGF-II が媒介する細胞増殖と生存を阻害する特性；

h) アフリカミドリザル IGF-IR と結合するが、マウス、チャイニーズハムスターまたはヤギ IGF-IR と結合しない特性；および

i) IRS-1、Akt および Erk1/2 の活性化を阻害する特性

50

からなる群から選択される少なくとも1つの特性を有することを特徴とする、請求項1に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項56】

請求項55に記載の特性の全てを有する、請求項55に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項57】

上記抗体または抗体フラグメントが

a)免疫グロブリン(Ig)G1-4、IgM、IgA1-2、IgDもしくはIgE分子であるかまたはそれらから誘導されるか；または

b)1本鎖抗体、1本鎖抗体フラグメント(scFv)、Fabフラグメント、F(ab')₂フラグメント、または少なくとも3つのCDRを含有するフラグメントである、請求項1に記載の抗体または抗体フラグメント。

10

【請求項58】

請求項43に記載のベクターを含む宿主細胞。

【請求項59】

請求項44に記載のベクターを含む宿主細胞。

【請求項60】

抗IGF-IR抗体またはその抗体フラグメントを作る方法であって、請求項58に記載の宿主細胞を上記抗IGF-IR抗体またはその抗体フラグメントを発現するのに好適な条件のもとで培養するステップ、および上記抗IGF-IR抗体またはその抗体フラグメントを回収するステップを含む上記方法。

20

【請求項61】

抗IGF-IR抗体またはその抗体フラグメントを作る方法であって、請求項59に記載の宿主細胞を上記抗IGF-IR抗体またはその抗体フラグメントを発現するのに好適な条件のもとで培養するステップ、および上記抗IGF-IR抗体またはその抗体フラグメントを回収するステップを含む上記方法。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明はヒトインスリン様増殖因子-I受容体(IGF-I受容体)と結合する抗体に関する。さらに特定すれば、本発明はIGF-I受容体の細胞機能を阻害する抗IGF-I受容体抗体に関する。なおさらに特定すれば、本発明はIGF-I、IGF-IIおよび血清の腫瘍細胞の増殖および生存に対する効果に拮抗しかつそれ自身は実質的に作動薬活性を欠く抗IGF-I受容体抗体に関する。本発明はまた、上記抗体のフラグメント、上記抗体のヒト化および再表面形成バージョン、上記抗体のコンジュゲート、抗体誘導體、ならびに上記の診断、研究および治療応用における利用にも関する。本発明はさらに、上記抗体およびそのフラグメントから作製される改良された抗体またはそのフラグメントに関する。他の態様においては、本発明は抗体またはそのフラグメントをコードするポリヌクレオチド、およびそのポリヌクレオチドを含むベクターに関する。

30

【背景技術】

40

【0002】

インスリン様増殖因子-I受容体(IGF-I受容体)は、膜貫通ヘテロテトラマータンパク質であり、細胞外の2つのα鎖および膜をまたがる2つのβ鎖をジスルフィド結合したβ-α-α-βコンフィギュレーションの形態を有する。リガンド、すなわちインスリン様増殖因子-I(IGF-I)およびインスリン様増殖因子-II(IGF-II)がIGF-I受容体の細胞外ドメインと結合すると、細胞内チロシンキナーゼドメインを活性化して受容体の自己リン酸化および基質リン酸化が起こる。IGF-I受容体はインスリン受容体と相同性があり、β鎖チロシンキナーゼドメインにおいて84%の高い配列類似性を有しかつα鎖細胞外システムリッチドメインにおいて48%の低い配列類似性を有する(Ulrich, A.ら, 1986, EMBO, 5,2503-2512; Fujita-Yamaguchi, Y.ら, 1986, J. Biol. Chem., 261, 16727-16731; LeR

50

oith, D.ら, 1995, *Endocrine Reviews*, 16, 143-163)。IGF-I受容体およびそのリガンド (IGF-IおよびIGF-II) は多数の生理学的プロセスに重要な役割を果たし、その役割は胚形成時の成長および発生、成体における代謝、細胞増殖および細胞分化を含む (LeRoith, D., 2000, *Endocrinology*, 141, 1287-1288; LeRoith, D., 1997, *New England J. Med.*, 336, 633-640)。

【 0 0 0 3 】

IGF-IとIGF-IIは両方とも、主にIGF結合タンパク質との複合体で存在する血中の内分泌ホルモンとして、および局所で産生されるパラ分泌および自己分泌増殖因子として機能する (Humbel, R.E., 1990, *Eur. J. Biochem.*, 190, 445-462; Cohick, W.S.およびClemmons, D.R., 1993, *Annu. Rev. Physiol.* 55, 131-153)。

10

【 0 0 0 4 】

IGF-I受容体は腫瘍細胞の増殖、形質転換および生存を促進することが示唆されている (Baserga, R.ら, 1997, *Biochem. Biophys. Acta*, 1332, F105-F126; Blakesley, V.A.ら, 1997, *Journal of Endocrinology*, 152, 339-344; Kaleko, M., Rutter, W.J., およびMiller, A.D. 1990, *Mol. Cell. Biol.*, 10, 464-473)。すなわち、腫瘍型のいくつかはIGF-I受容体の通常のレベルより高いレベルを発現することが公知であり、それらは乳癌、大腸癌、卵巣癌、滑膜肉腫、膀胱癌を含む (Khandwala, H.M.ら, 2000, *Endocrine Reviews*, 21, 215-244; Werner, H.およびLeRoith, D., 1996, *Adv. Cancer Res.*, 68, 183-223; Happerfield, L.C.ら, 1997, *J. Pathol.*, 183, 412-417; Frier, S.ら, 1999, *Gut*, 44, 704-708; van Dam, P.A.ら, 1994, *J. Clin. Pathol.*, 47, 914-919; Xie, Y.ら, 1999, *Cancer Res.*, 59, 3588-3591; Bergmann, U.ら, 1995, *Cancer Res.*, 55, 2007-2011)。In vitroでIGF-IおよびIGF-IIは、複数のヒト腫瘍細胞系統、例えば肺癌、乳癌、大腸癌、骨肉腫および子宮頸癌に対する強力な分裂促進因子であることが示されている (Ankrapp, D.P.およびBevan, D.R., 1993, *Cancer Res.*, 53, 3399-3404; Cullen, K.J., 1990, *Cancer Res.*, 50, 48-53; Hermanto, U.ら, 2000, *Cell Growth & Differentiation*, 11, 655-664; Guo, Y. S.ら, 1995, *J. Am. Coll. Surg.*, 181, 145-154; Kappel, C. C.ら, 1994, *Cancer Res.*, 54, 2803-2807; Steller, M.A.ら, 1996, *Cancer Res.*, 56, 1761-1765)。これらの腫瘍および腫瘍細胞系統のいくつかはまた、高レベルのIGF-IまたはIGF-IIを発現して、自己分泌またはパラ分泌の方法でそれら自身の増殖を刺激することができる (Quinn, K. A.ら, 1996, *J. Biol. Chem.*, 271, 11477-11483)。

20

30

【 0 0 0 5 】

疫学研究は、IGF-Iの血漿レベルの増加 (およびIGF結合タンパク質-3のレベルの低下) は前立腺癌、大腸癌、肺癌および乳癌のリスクの増加と相関があることを示している (Chan, J. M.ら, 1998, *Science*, 279, 563-566; Wolk, A.ら, 1998, *J. Natl. Cancer Inst.*, 90, 911-915; Ma, J.ら, 1999, *J. Natl. Cancer Inst.*, 91, 620-625; Yu, H.ら, 1999, *J. Natl. Cancer Inst.*, 91, 151-156; Hankinson, S.E.ら, 1998, *Lancet*, 351, 1393-1396)。癌予防として、血漿のIGF-Iレベルを低下するかまたはIGF-I受容体の機能を抑制する手法が示唆されている (Wu, Y.ら, 2002, *Cancer Res.*, 62, 1030-1035; Grimberg, A.およびCohen P., 2000, *J. Cell. Physiol.*, 183, 1-9)。

40

【 0 0 0 6 】

IGF-I受容体は、腫瘍細胞を増殖因子欠乏、足場非依存性、または細胞傷害薬処理により起こるアポトーシスから保護する (Navarro, M.およびBaserga, R., 2001, *Endocrinology*, 142, 1073-1081; Baserga, R.ら, 1997, *Biochem. Biophys. Acta*, 1332, F105-F126)。分裂促進、トランスフォーメーションおよび抗アポトーシス活性にとって重要であるIGF-I受容体のドメインは、突然変異分析により同定されている。

【 0 0 0 7 】

例えば、IGF-I受容体のチロシン1251残基は、抗アポトーシスおよびトランスフォーメーション活性にとって極めて重要であるが分裂促進活性にとっては重要でないことが同定されている (O'Connor, R.ら, 1997, *Mol. Cell. Biol.*, 17, 427-435; Miura, M.ら, 19

50

95, J. Biol. Chem., 270, 22639-22644)。リガンドにより活性化されるIGF-I受容体の細胞内シグナル伝達経路はインスリン受容体基質 (IRS-1およびIRS-2) のチロシン残基のリン酸化に関わり、これがホスファチジルイノシトール-3-キナーゼ (PI3キナーゼ) を膜へ補給する。膜結合したPI3キナーゼのリン脂質産物はセリン/トレオニンキナーゼAktを活性化し、その基質であるプロアポトーシスタンパク質BADがリン酸化されて不活性化状態となる (Datta, S. R., Brunet, A. and Greenberg, M. E., 1999, Genes & Development, 13, 2905-2927; Kulik, G., Klippel, A.およびWeber, M. J., 1997, Mol. Cell. Biol., 17, 1595-1606)。MCF-7ヒト乳癌細胞のIGF-I受容体の分裂促進シグナル伝達はPI3キナーゼを必要とし、分裂促進因子活性化タンパク質キナーゼに依存しないが、分化ラットクロム親和細胞腫PC12細胞の生存シグナル伝達は、PI3キナーゼと分裂促進因子活性化タンパク質キナーゼの両方の経路を必要とする (Dufourny, B.ら, 1997, J. Biol. Chem., 272, 31163-31171; Parrizas, M., Saltiel, A. R. and LeRoith, D., 1997, J. Biol. Chem., 272, 154-161)。

10

20

30

40

50

【0008】

アンチセンス手法によるIGF-I受容体レベルの下方調節は、複数の腫瘍細胞系統、例えば黒色腫、肺癌、卵巣癌、グリア芽細胞腫、神経芽細胞腫および横紋筋肉腫のin vivoおよびin vitro腫瘍形成能を低下することが示されている (Resnicoff, M.ら, 1994, Cancer Res., 54, 4848-4850; Lee, C.-T.ら, 1996, Cancer Res., 56, 3038-3041; Muller, M.ら, 1998, Int. J. Cancer, 77, 567-571; Trojan, J.ら, 1993, Science, 259, 94-97; Liu, X.ら, 1998, Cancer Res., 58, 5432-5438; Shapiro, D. N.ら, 1994, J. Clin. Invest., 94, 1235-1242)。同様に、IGF-I受容体の優性ネガティブ突然変異は、IGF-I受容体を過剰発現する形質転換Rat-1細胞のin vivo腫瘍形成能、およびin vitro増殖を低下することが報じられている (Prager, D.ら, 1994, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 91, 2181-2185)。

IGF-I受容体mRNAに対するアンチセンスを発現する腫瘍細胞は、生物拡散室内の動物に注射すると大量のアポトーシスを起こす。この観察によれば、腫瘍細胞はIGF-I受容体の阻害によりアポトーシスに対する感受性が正常細胞より高くなるという仮説に基づいて、IGF-I受容体は魅力的な治療標的であることを示す (Resnicoff, M.ら, 1995, Cancer Res., 55, 2463-2469; Baserga, R., 1995, Cancer Res., 55, 249-252)。

【0009】

腫瘍細胞中のIGF-I受容体の機能を阻害する他の手法として、IGF-I受容体の細胞外ドメインと結合してその活性化を阻害する抗IGF-I受容体抗体が利用されている。IGF-I受容体に対するマウスモノクローナル抗体を開発するいくつかの試みが報じられており、それらの中で2種の阻害抗体 (IR3および1H7) は入手可能があり、それらの利用が複数のIGF-I受容体研究において報じられている。

【0010】

部分精製したインスリン受容体の胎盤調製物を用いてマウスを免疫感作すると、インスリン受容体と選択的に結合するIR1、およびIGF-I受容体 (ソマトメジンC受容体) の優先的免疫沈降を示すがインスリン受容体の弱い免疫沈降も示す2種の抗体、IR2とIR3が得られるので、それを利用してIR3抗体を発生させた (Kull, F. C.ら, 1983, J. Biol. Chem., 258, 6561-6566)。

【0011】

精製したIGF-I受容体の胎盤調製物を利用して1H7抗体を発生させた。該胎盤調製物を用いてマウスを免疫感作すると、3種の刺激性抗体に加えて阻害性抗体1H7が得られる (Li, S.-L.ら, 1993, Biochem. Biophys. Res. Commun., 196, 92-98; Xiong, L.ら, 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89, 5356-5360)。

【0012】

他の報文では、IGF-I受容体の高レベルを発現するトランスフェクトされた3T3細胞を用いてマウスを免疫感作すると、ヒトIGF-I受容体に特異的なマウスモノクローナル抗体のパネルが得られるので、このパネルを結合競合によりおよびIGF-Iのトランスフェクトさ

れた3T3細胞との結合の阻害または刺激により7グループに分類した (Soos, M. A.ら, 1992, J. Biol. Chem., 267, 12955-12963)。

【0013】

このように、IR3抗体はin vitroで最も汎用されるIGF-I受容体研究用の阻害性抗体であるが、これはIGF-I受容体を発現するトランスフェクトされた3T3およびCHO細胞に作動薬活性を示す欠点が悩みである (Kato, H.ら, 1993, J. Biol. Chem., 268, 2655-2661; Steele-Perkins, G.およびRoth, R. A., 1990, Biochem. Biophys. Res. Commun., 171, 1244-1251)。同様に、Soosらが開発した抗体のパネルの中で、最も阻害性抗体の24-57および24-60もトランスフェクトされた3T3細胞に作動薬活性を示した (Soos, M. A.ら, 1992, J. Biol. Chem., 267, 12955-12963)。IR3抗体は、IGF-Iの無傷の細胞におけるおよび可溶化後の発現された受容体との結合を阻害する (しかしIGF-IIを阻害しない) ことが報じられるが、細胞のDNA合成をin vitroで刺激するIGF-IとIGF-II両方の能力を阻害することが示されている (Steele-Perkins, G.およびRoth, R. A., 1990, Biochem. Biophys. Res. Commun., 171, 1244-1251)。IR3抗体の結合エピトープは、キメラのインスリンIGF-I受容体構築物からIGF-I受容体の223~274領域であると推定されている (Gustafson, T. A.およびRutter, W. J., 1990, J. Biol. Chem., 265, 18663-18667; Soos, M. A.ら, 1992, J. Biol. Chem., 267, 12955-12963)。

10

【0014】

MCF-7ヒト乳癌細胞系統は、IGF-IおよびIGF-IIのin vitro増殖応答を実証するために利用される典型的なモデル細胞系統である (Dufourny, B.ら, 1997, J. Biol. Chem., 272, 31163-31171)。MCF-7細胞において、IR3抗体は、無血清状態で外因的に加えられたIGF-IおよびIGF-IIの刺激性効果を不完全にほぼ80%だけ遮断する。また、IR3抗体は10%血清中でMCF-7細胞の増殖を有意に阻害しない (25%未満) (Cullen, K. J.ら, 1990, Cancer Res., 50, 48-53)。MCF-7細胞の血清刺激増殖のIR3抗体によるin vitroでのこの弱い阻害は、IR3抗体処理がヌードマウスにおけるMCF-7異種移植片の増殖を有意に阻害しなかったin vivo研究の結果と関係がありうる (Arteaga, C. L.ら, 1989, J. Clin. Invest., 84, 1418-1423)。

20

【0015】

IR3および他の報じられた抗体の弱い作動薬活性、ならびにそれらがより生理学的な血清刺激の条件 (無血清条件で外因的に加えたIGF-IまたはIGF-IIによる刺激の代わりに) のもとでMCF-7細胞などの腫瘍細胞の増殖を有意に阻害する能力が無いことの故に、腫瘍細胞の血清刺激増殖を有意に阻害ししかしそれ自身による有意な作動薬活性を示さない新しい抗IGF-I受容体抗体に対するニーズがある。

30

【発明の開示】

【0016】

従って、インスリン様増殖因子-I受容体と特異的に結合し、受容体に拮抗することにより受容体の細胞活性を阻害し、そしてまた受容体に対する作動薬活性を実質的に欠く抗体、抗体フラグメントおよび抗体誘導体を提供することが本発明の目的である。

【0017】

従って第1の実施形態においては、軽および重鎖可変域の両方のアミノ酸配列、軽および重鎖に対する遺伝子のcDNA配列、そのCDR (相補性決定領域) の同定、その表面アミノ酸の同定、ならびに組換え型においてそれを発現する方法に関して、本明細書で全て特徴付けられているマウス抗体EM164が提供される。

40

【0018】

第2の実施形態においては、抗体EM164の再表面形成されたまたはヒト化されたバージョンであって、抗体またはそのフラグメントの表面に曝される残基の軽および重鎖の両方が置換えられて公知のヒト抗体表面にさらによく似ている上記バージョンが提供される。そのようなヒト化された抗体は、マウスEM164と比較して、治療または診断薬としての有用性が一層増加しうる。抗体EM164のヒト化されたバージョンはまた、軽および重鎖可変域両方のそれぞれのアミノ酸配列、軽および重鎖に対する遺伝子のDNA配列、そのCDRの同

50

定、その表面アミノ酸の同定、ならびに組換え型においてそれを発現する方法の開示に関して、本明細書において全て特徴づけられている。

【 0 0 1 9 】

第 3 の実施形態においては、増殖刺激因子、例えば血清、インスリン様増殖因子-Iおよびインスリン様増殖因子-IIの存在のもとで、癌細胞の増殖をほぼ80%以上阻害することができる抗体が提供される。

【 0 0 2 0 】

第 4 の実施形態においては、抗体または抗体フラグメントであって、それぞれ配列番号 1 ~ 3 :

SYWMH (配列番号 1)、

EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、

GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3)により表されるアミノ酸配列を有するCDRを含む重鎖を有しかつ

それぞれ配列番号 4 ~ 6 :

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、

KVSNRFS (配列番号 5)、

FQGSHPPT (配列番号 6)により表されるアミノ酸配列を有するCDRを含む軽鎖を有する上記抗体または抗体フラグメントが提供される。

【 0 0 2 1 】

第 5 の実施形態においては、配列番号 7 :

QVQLQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKQRPQGLEWIGEINPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAY
MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGAGTTTVTVSS (配列番号 7)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも90%配列同一性を共有するアミノ酸配列を持つ重鎖を有する抗体が提供される。

【 0 0 2 2 】

同様に、配列番号 8 :

DVLTMTQTPSLPVS LGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGSGTDFTLR I
SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 8)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも90%配列同一性を共有するアミノ酸配列を持つ軽鎖を有する抗体が提供される。

【 0 0 2 3 】

第 6 の実施形態においては、配列番号 9 ~ 12 :

DVVTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPRLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I
SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 9) ;

DVLTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I
SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 10) ;

DVLTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPRLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I
SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 11) ; または

DVVTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I
SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 12)

のうちの 1 つに対応するアミノ酸配列を持つヒト化されたまたは再表面形成された軽鎖可変域を有する抗体が提供される。

【 0 0 2 4 】

同様に、配列番号 13 :

QVQLVQSGAEVVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKQRPQGLEWIGEINPSNGRTNYNQKFQ GKATLTVDKSSSTAY
MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGQGTTTVTVSS (配列番号 13)

に対応するアミノ酸配列を持つヒト化されたまたは再表面形成された重鎖可変域を有する抗体が提供される。

【 0 0 2 5 】

第 7 の実施形態においては、改良された特性を有する本発明の抗体または抗体フラグメ

10

20

30

40

50

ントが提供される。例えば、改良されたIGF-I受容体に対する親和性を有する抗体または抗体フラグメントが本発明の抗体またはフラグメントの親和性成熟により調製される。

【0026】

本発明はさらに、上記抗体のコンジュゲートであって、直接にまたは切断可能もしくは非切断可能なリンカーを経由して細胞傷害薬が本発明の抗体もしくは抗体のエピトープ結合フラグメントと共有結合していることを特徴とする上記コンジュゲートを提供する。好ましい実施形態において、細胞傷害薬はタキソール、メイタンシノイド、CC-1065またはCC-1065類似体である。

【0027】

本発明はさらに、研究または診断応用に利用するためにさらに標識されている抗体またはそのフラグメントを提供する。好ましい実施形態において、標識は放射標識、蛍光体、発色体、イメージング剤または金属イオンである。

【0028】

上記抗体またはフラグメントを癌を有すると疑われる被験者に投与し、そして被験者の体内の標識の分布を測定またはモニターする診断方法も提供される。

【0029】

第8の実施形態においては、本発明は癌を有する被験者の治療方法であって、本発明の抗体、抗体フラグメントまたは抗体コンジュゲートを単独でまたは他の細胞傷害または治療薬と組合わせて投与することによる上記治療方法を提供する。癌は、1以上の、例えば乳癌、大腸癌、卵巣癌、骨肉腫、子宮頸癌、前立腺癌、肺癌、滑膜癌、脾癌、またはこれからIGF-I受容体レベルが高いことで確認される他の癌であってもよい。

【発明を実施するための最良の形態】

【0030】

本発明者らは、細胞表面上のヒトインスリン様増殖因子-I受容体(IGF-IR)と結合する新規の抗体を発見しかつそれを改良した。本抗体およびフラグメントは、受容体それ自身を活性化する能力がなくしかも受容体の細胞機能を阻害するというユニークな能力を有する。従って、IGF-IRと結合して阻害する従来公知の抗体はIGF-IRリガンドの不在時でも受容体を活性化するのに対して、本発明の抗体またはフラグメントはIGF-IRに拮抗するが実質的に作動薬活性を欠く。さらに本発明の抗体と抗体フラグメントは、血清の存在のもとでのヒト腫瘍細胞、例えばMCF-7細胞の増殖を80%以上阻害し、この値は従来公知の抗IGF-IR抗体を用いて得られるより高い阻害度である。

【0031】

本発明は、本明細書でEM164と呼び、軽および重鎖の両方のアミノ酸配列、そのCDRの同定、表面アミノ酸の同定、および組換え型におけるその発現に関して、全て特徴付けているマウス抗IGF-IR抗体から進める。

【0032】

生殖系列配列のEM164配列とのアラインメントを図15に示す。その比較によりEM164中の可能性のある体細胞突然変異が同定され、それらは軽鎖のCDR1および重鎖のCDR2にそれぞれ1つずつ含まれる。

【0033】

抗体EM164軽および重鎖、ならびにヒト化バージョンの1次アミノ酸およびDNA配列を本明細書に開示する。しかし、本発明の範囲はこれらの配列を含む抗体とフラグメントに限定されるものではない。それどころか、インスリン様増殖因子-I受容体と特異的に結合しかつ受容体の生物学的活性に拮抗し、しかし作動活性を実質的に欠く全ての抗体とフラグメントは本発明の範囲に包含される。従って、抗体と抗体フラグメントは、抗体EM164またはヒト化誘導体とその骨格、CDR、軽鎖および重鎖のアミノ酸配列が異なってもよく、それでもなお本発明の範囲内に包含されうる。

【0034】

抗体EM164のCDRはモデリングにより同定され、その分子構造は予測されている。再び、CDRはエピトープ認識にとって重要であるものの、それは本発明の抗体とフラグメントに

10

20

30

40

50

にとって必須ではない。すなわち、例えば本発明の抗体の親和性成熟により作られる、改良された特性を有する抗体とフラグメントが提供される。

【0035】

多様な抗体と抗体フラグメント、ならびに抗体模倣物を、特定のセットのCDRとフランキンキングする可変および定常域配列内の突然変異、欠失および/または挿入により作ることができる。このようにして、例えば、所与のセットのCDRに対して異なる重鎖の置換により異なるクラスのAbを得ることが可能であり、この方法により、例えば、IgG1~4、IgM、IgA1~2、IgD、IgE抗体型およびイソ型を作ることができる。同様に、本発明の範囲に含まれる人工抗体は、CDRの所与のセットを完全な合成フレームワーク内に埋め込むことにより作ることができる。本明細書において用語「可変」は、可変ドメインのある特定部分であって、抗体間で配列が異なりかつ各特定抗体のその抗原との結合および特異性に利用される上記部分を記載するために使用される。しかし、その可変性は通常、抗体の可変ドメイン全体に等しく分布するものではない。可変性は典型的には軽鎖および重鎖両方の可変ドメイン中の相補性決定領域（CDR）または超可変域と呼ばれる3セグメントに濃縮される。可変ドメインのより高度に保存された部分はフレームワーク（FR）と呼ばれる。重および軽鎖の可変ドメインはそれぞれ、主にβシートコンフィギュレーションである4つのフレームワーク領域を含み、それらのフレームワークは3つのCDRにより接続される。上記CDRは、接続する（場合によってはβシート構造の部分となる）ループを形成する。それぞれの鎖のCDRは、FR領域によって密接した近位に一緒に保持され、他の鎖からのCDRとともに抗体の抗原結合部位の形成に寄与する（E. A. Kabatら「免疫学的に重要なタンパク質の配列（Sequences of Proteins of Immunological Interest）」、第5版、1991、NIH）。定常ドメインは抗体と抗原の結合に直接関わらないが、様々なエフェクター機能、例えば抗体の抗体依存性細胞毒性への関与を示す。

【0036】

ヒト化抗体、または他の哺乳類動物による非拒絶に適合させた抗体は、複数の技術、例えば再表面形成およびCDR移植術を用いて作ることができる。再表面形成技術においては、分子モデル、統計解析および突然変異誘発を組み合わせ、可変域の非CDR表面を標的宿主の既知抗体の表面に似ているように調節する。抗体を再表面形成する計画と方法、および色々な宿主内の抗体の免疫原性を低下させる他の方法は、米国特許第5,639,641号に開示されていて、これは本明細書にその全てが参照により組み入れられる。CDR移植技術においては、マウス重および軽鎖CDRを全ヒトフレームワーク配列中に移植する。

【0037】

本発明はまた、本明細書に記載した抗体の機能的同等物も含む。機能的同等物はこれらの抗体と比較しうる結合特性を有し、例えば、キメラ、ヒト化および1本鎖抗体ならびにそれらのフラグメントを含む。このような機能的同等物を作るほう方法は、PCT出願W093/21319、欧州特許出願第239,400号；PCT出願W089/09622；欧州特許出願第338,745号；および欧州特許出願第332,424号に開示されていて、これらはそれぞれの全てが参照により組み入れられる。

【0038】

機能的同等物は、本発明の抗体の可変もしくは超可変域のアミノ酸配列と実質的に同じアミノ酸配列をもつポリペプチドを含む。アミノ酸配列に適用される「実質的に同じ」は、本明細書においては、PearsonおよびLipman, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85, 2444-2448 (1988)によるFASTAサーチ法により決定して、他のアミノ酸配列と少なくともほぼ90%、さらに好ましくは少なくともほぼ95%配列同一性をもつ配列として定義される。

【0039】

キメラ抗体は好ましくは、実質的にまたは専らヒト抗体定常域から誘導された定常域および実質的にまたは専らヒト以外の哺乳類動物の可変域配列から誘導された可変域を有する。抗体のヒト化型は、例えばマウス抗体の相補性決定領域をヒトフレームワークドメイン中に置換することにより作られる（例えばPCT公開第W092/22653号を参照）。ヒト化抗体は好ましくは、実質的にまたは専ら対応するヒト抗体領域から誘導された定常域と相補

性決定領域（CDR）以外の可変域、および実質的にまたは専らヒト以外の哺乳類動物から誘導されたCDRを有する。

【0040】

機能性同等物はまた、1本鎖抗体（scFv）としても知られる1本鎖抗体フラグメントを含む。これらのフラグメントは、1以上の相互接続リンカーを用いてまたは用いないで、少なくとも1つの抗体可変軽鎖配列（VL）のフラグメントと繋留された少なくとも1つの抗体可変重鎖配列（VH）のフラグメントを含有する。そのようなリンカーは、短いフレキシブルなペプチドであって、（VL）と（VH）ドメインが連結されるとそれらの適当な3次元フォールディングが起こり、1本鎖抗体フラグメントが誘導された元の全抗体の標的分子結合特異性を維持することを確保するように選択することができる。一般的に（VL）または（VH）配列のカルボキシ末端を、このようなペプチドリinkerにより相補的（VL）および（VH）配列のアミノ酸末端と共有結合で連結することができる。1本鎖抗体フラグメントは、分子クローニング、抗体ファージディスプレイライブラリーまたは類似の技術により作製することができる。これらのタンパク質は、真核生物細胞または細菌を含む原核生物細胞のいずれで産生させてもよい。

10

【0041】

1本鎖抗体フラグメントは、本明細書に記載の全抗体の可変または相補性決定領域（CDR）の少なくとも1つを有するが、これらの抗体の定常ドメインのいくらかまたは全てを欠いている。これらの定常ドメインは抗原結合に必要でないが、全抗体構造の主要部を構成する。従って、1本鎖抗体フラグメントは、定常ドメインの一部または全てを含有する抗体の利用に関連するいくつかの問題を克服することができる。例えば、1本鎖抗体フラグメントは、生物学的分子と重鎖定常域との間の望ましくない相互作用、または他の欲しない生物学的活性を持たない傾向がある。さらに、1本鎖抗体フラグメントは全抗体よりかなり小さく従ってより大きい毛細管透過性を有するので、1本鎖抗体フラグメントが局在化して標的抗原結合部位とより効率的に結合することが可能になる。また、抗体フラグメントは真核生物細胞において比較的大規模に生産することができるので、その生産が容易になる。さらに、1本鎖抗体フラグメントは比較的小さいので、全抗体よりレシピエントの免疫応答を引起す可能性が低い。

20

【0042】

機能的同等物はさらに、全抗体のそれと同じかまたは比較しうる結合特性を有する抗体のフラグメントを含む。そのようなフラグメントはFabフラグメントの1つもしくは両方またはF(ab')₂フラグメントを含有してもよい。好ましくは抗体フラグメントは全抗体の6つの相補性決定領域の全てを含有するが、全てより少ない数、例えば3つ、4つまたは5つのかかる領域を含有するフラグメントもまた機能的である。さらに、機能的同等物は、次の免疫グロブリンクラス：IgG、IgM、IgA、IgDまたはIgE、およびそれらのサブクラスのいずれか1つであってもまたはそのメンバーの組合わせであってもよい。

30

【0043】

本明細書に記載した抗IGF-I受容体抗体EM164およびそのヒト化変異体に対するアミノ酸および核酸配列の知識を利用して、同じようにヒトIGF-I受容体と結合してIGF-I受容体の細胞機能を阻害する他の抗体を開発することができる。複数の研究は、1以上のアミノ酸変化を抗体の配列の様々な位置へ導入することの抗体の特性、例えば結合および発現のレベル、に与える効果を1次抗体配列の知識に基づいて調査している（Yang, W. P.ら, 1995, J. Mol. Biol., 254, 392-403; Rader, C.ら, 1998, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 95, 8910-8915; Vaughan, T. J.ら, 1998, Nature Biotechnology, 16, 535-539）。

40

【0044】

これらの研究において、オリゴヌクレオチド媒介の位置指定突然変異誘発、カセット突然変異誘発、誤りがちな（error-prone）PCR、DNAシャッフリング、または大腸菌（E. coli）の変異誘発株などの技術を用いて、CDR1、CDR2、CDR3、またはフレームワーク領域の重および軽鎖遺伝子の配列を変えることにより、1次抗体の変異体が作製されている（Vaughan, T. J.ら, 1998, Nature Biotechnology, 16, 535-539; Adey, N. B.ら, 1996, 第

50

16章, pp.277-291, in 「ペプチドとタンパク質のファージディスプレイ (Phage Display of Peptides and Proteins)」, Kay, B.K.ら編, Academic Press)。1次抗体の配列を変えるこれらの方法は、2次抗体の親和性の改良をもたらしている (Gram, H.ら, 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89, 3576-3580; Boder, E. T.ら, 2000, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 97, 10701-10705; Davies, J. and Riechmann, L., 1996, Immunotechnology, 2, 169-179; Thompson, J.ら, 1996, J. Mol. Biol., 256, 77-88; Short, M. K.ら, 2002, J. Biol. Chem., 277, 16365-16370; Furukawa, K.ら, 2001, J. Biol. Chem., 276, 27622-27628)。

【0045】

抗体の1以上のアミノ酸残基を変える類似の定方向 (directed) 手法により、本発明に記載した抗体配列を利用して改良された機能をもつ抗IGF-I受容体抗体を開発することができる。 10

【0046】

本発明のコンジュゲートは、細胞傷害薬に連結された本発明に記載の抗体、フラグメント、およびそれらの類似体を含む。好ましい細胞傷害薬はメイタンシノイド、タキサンおよびCC-1065の類似体である。コンジュゲートはin vitroの方法により調製することができる。細胞傷害薬を抗体と連結する目的で連結基を用いる。適当な連結基は当技術分野では周知であり、ジスルフィド基、チオエーテル基、酸に不安定な基、感光性基、ペプチダーゼ易分解性基およびエステラーゼ易分解性基を含む。好ましい連結基はジスルフィド基およびチオエーテル基である。例えば、コンジュゲートは、ジスルフィド交換反応を用いてまたは抗体と細胞傷害薬の間にチオエーテル基を形成することにより構築することができる。 20

【0047】

メイタンシノイドとメイタンシノイド類似体が好ましい細胞傷害薬として挙げられる。好適なメイタンシノイドとメイタンシノイド類似体の例は、米国特許第4,424,219号; 第4,256,746号; 第4,294,757号; 第4,307,016号; 第4,313,946号; 第4,315,929号; 第4,331,598号; 第4,361,650号; 第4,362,663号; 第4,364,866号; 第4,450,254号; 第4,322,348号; 第4,371,533号; 第6,333,410号; 第5,475,092号; 第5,585,499号; および第5,846,545号に開示されている。

【0048】

タキサンも好ましい細胞傷害薬である。本発明に使用するのに好適なタキサンは米国特許第6,372,738号および第6,340,701号に開示されている。 30

【0049】

CC-1065とその類似体も本発明に使用するのに好ましい細胞傷害薬である。CC-1065とその類似体は米国特許第6,372,738号; 第6,340,701号; 第5,846,545号および第5,585,499号に開示されている。

【0050】

このような細胞傷害性コンジュゲートを調製するための魅力的な候補薬はCC-1065であり、これはストレプトマイセス・ゼレンシス (Streptomyces zelensis) の培養ブロスから単離された強力な抗腫瘍抗生物質である。CC-1065は通常使用される抗癌薬、例えばドキソルビシン、メトトレキセートおよびビンクリスチンよりもin vitroでほぼ1000倍以上強力である (B.K. Bhuyanら, Cancer Res., 42, 3532-3537 (1982))。 40

【0051】

メトトレキセート、ダウノルビシン、ドキソルビシン、ビンクリスチン、ビンブラスチン、メルファラン、マイトマイシンC、クロラムブシル、およびカリケアマイシンなどの細胞傷害薬も本発明のコンジュゲートを調製するのに好適であり、薬物分子を抗体分子と仲介担体分子、例えば血清アルブミンを介して連結することもできる。

【0052】

診断上の応用については、典型的には本発明の抗体を検出可能部分を用いて標識しうる。検出可能部分は、検出可能なシグナルを直接的にまたは間接的に作製しうるものであれば 50

いずれのものでもよい。例えば、検出可能部分は放射性同位体、例えば ^3H 、 ^{14}C 、 ^{32}P 、 ^{35}S 、もしくは ^{131}I ；蛍光もしくは化学発光化合物、例えばフルオレセインチオシアネート、ローダミン、もしくはルシフェリン；または酵素、例えばアルカリホスファターゼ、 β -ガラクトシダーゼ、もしくは西洋わさびペルオキシダーゼであってもよい。

【0053】

抗体を検出可能な部分とコンジュゲートするために、当技術分野で公知のいずれの方法を採用してもよく、Hunter,ら, Nature 144:945 (1962); David,ら, Biochemistry 13:1014 (1974); Pain,ら, J. Immunol. Meth. 40:219 (1981); およびNygren, J. Histochem. and Cytochem. 30:407 (1982)により記載された方法を含む。

【0054】

本発明の抗体はいずれの公知のアッセイ方法、例えば競合結合アッセイ、直接および間接サンドイッチアッセイおよび免疫沈降アッセイにおいても使用することができる (Zola, 「モノクローナル抗体：技術のマニュアル (Monoclonal Antibodies: A Manual of Techniques)」, pp.147-158 (CRC Press, Inc., 1987))。

【0055】

本発明の抗体はまた、*in vivo*イメージングにも有用であり、ここでは検出可能部分、例えば放射不透明剤または放射性同位体を用いて標識した抗体を、被験者に好ましくはその血流中に投与し、そして標識した抗体の宿主中の位置をアッセイする。このイメージング技術は悪性腫瘍の段階判定および治療に有用である。抗体を、核磁気共鳴、放射線学または他の当技術分野で知られる検出手段のいずれかにより宿主中で検出可能であるいずれの部分を用いて標識してもよい。

【0056】

本発明の抗体はまた、アフィニティ精製剤としても有用である。このプロセスにおいては、抗体を好適な支持体、例えばセファデックス (Sephadex) 樹脂または濾紙上に当技術分野で周知の方法を用いて固定する。

【0057】

本発明の抗体はまた、それらの細胞中のIGF-I受容体機能の阻害に基づく生物学的研究の試薬としても有用である。

【0058】

治療上の応用については、本発明の抗体またはコンジュゲートを、製薬上許容される剤形で被験者に投与する。それらを、ボラスとしてまたはある期間にわたる連続輸液により静脈内に、筋肉内、皮下、関節内、滑膜内、くも膜下腔内、経口、局所または吸入経路により投与することができる。抗体はまた、腫瘍内、腫瘍周囲、病変部内、または病変部周囲経路により投与して、局所ならびに全身治療効果を与えてもよい。好適な製薬上許容される担体、希釈剤、および賦形剤は当業者に周知でありかつ当業者が臨床症状に基づいて決定することができる。好適な担体、希釈剤、および/または賦形剤の例としては、(1)約1mg/ml~25mg/mlヒト血清アルブミンを含有するダルベッコ (Dulbecco) リン酸緩衝化生理食塩水、pH約7.4、(2)0.9%生理食塩水 (0.9% w/v NaCl)、および(3)5% (w/v) デキスロースが挙げられる。本発明の方法は*in vitro*、*in vivo*、または*ex vivo*で実施することができる。

【0059】

他の治療処置においては、本発明の抗体、抗体フラグメントまたはコンジュゲートを1以上のさらなる治療薬とともに同時投与する。好適な治療薬は、限定されるものでないが、細胞傷害または細胞分裂停止薬を含む。タキソールは、細胞傷害薬でもある好ましい治療薬である。

【0060】

癌治療薬は、癌細胞を殺滅するかまたはその増殖を制限する一方、宿主への障害を最小化することを求める薬剤である。従って、そのような薬剤は、癌細胞の健康な宿主細胞との特性の相違 (例えば代謝、血管新生または細胞表面抗原提示) を利用することができる。腫瘍形態学の相違は可能性のある介入部位となる：例えば、第2の治療薬は抗体、例え

10

20

30

40

50

ば固形腫瘍内部の血管新生を遅延させてそれにより増殖速度を遅くするのに有用である抗VEGF抗体であってもよい。他の治療薬としては、限定されるものでないが、補助薬、例えば塩酸グラニセトロン、男性ホルモンインヒビター、例えば酢酸ロイプロリド、抗生物質、例えばドキソルビシン、抗女性ホルモン剤、例えばタモキシフェン、代謝拮抗剤、例えばインターフェロン α -2a、細胞傷害薬、例えばタキソール、酵素阻害剤、例えばrasファルネシルトランスフェラーゼ阻害剤、免疫調節物質、例えばアルデスロイキン、および室素マスターバッチ誘導体、例えば塩酸メルファランなどが挙げられる。

【0061】

水溶液剤形で存在するとき（凍結乾燥されているのではなく）、抗体は典型的には約0.1mg/ml～100mg/mlの濃度で製剤されるが、この範囲外の広い変化も許容される。疾患の治療に適当な抗体またはコンジュゲートの投与量は、先に規定した治療する疾患の型、疾患の重篤度と経過、抗体を予防用にまたは治療用に投与するかどうか、先の治療の経過、患者の臨床歴と抗体に対する応答、および主治医の熟慮に依存しうる。抗体を、好適なように、患者に1回でまたは一連の治療全体にわたって投与する。

10

【0062】

疾患の型と重篤度に依存して、約0.015～15mg抗体/kg患者体重が、例えば1回以上の分離投与によりまたは連続輸液により患者に投与する最初の候補投与量である。数日以上にわたる反復投与については、症状に依存して、所望の病状抑制が起こるまで治療を繰返す。しかし他の投与体制も有用でありうるのであって、それらを排除するものではない。

20

【実施例】

【0063】

本発明をこれから次の実施例を参照して記載するが、これは説明のためだけであって、本発明を限定することを意図しない。

【0064】

実施例1：マウスEM164抗体

この最初の実施例においては、本発明のマウス抗体の完全な1次アミノ酸構造およびcDNA配列を、その結合特性および組換え型におけるその発現方法とともに開示する。従って、本発明の抗体とその調製法の全てのかつ完全な開示が提供され、免疫学分野の業者であれば、過剰な実験をすることなく、上記抗体を調製することができよう。

30

【0065】

A．抗IGF-I受容体モノクローナル抗体ハイブリドーマの作製

Y1251F突然変異をもつヒトIGF-I受容体を発現する細胞系統は高い数（1細胞当たり $\sim 10^7$ ）のIGF-I受容体を発現するので、この細胞系統を免疫感作に用いた。IGF-I受容体の細胞質ドメインにおけるY1251F突然変異は、トランスフォーメーションおよび抗アポトーシスシグナル伝達の損失をもたらしたが、IGF-I結合およびIGF-I刺激による分裂促進シグナル伝達に影響を与えなかった（O'Connor, R.ら, 1997, Mol. Cell. Biol., 17, 427-435; Miura, M.ら, 1995, J. Biol. Chem., 270, 22639-22644）。突然変異は他の点で抗体作製に影響を与えなかった、何故なら、この実施例の抗体は、Y1251Fと野生型受容体の両方に対して同等であるIGF-I受容体の細胞外ドメインと結合するからである。

40

【0066】

Y1251F突然変異をもつヒトIGF-I受容体を発現する細胞系統はIGF-I-受容体-欠損マウスの3T3様細胞から、Y1251F-突然変異ヒトIGF-I-受容体遺伝子と一緒にピューロマイシン耐性遺伝子によるトランスフェクションにより作製し、そしてピューロマイシン（2.5 μ g/mL）を用いて、および高いIGF-I受容体発現についてFACSソーティングにより選択した（Miura, M.ら, 1995, J. Biol. Chem., 270, 22639-22644）。高レベルのIGF-I受容体発現を有する細胞系統をさらに、ほとんどの細胞にとって毒性がある高濃度、例えば25 μ g/mLのピューロマイシンを用いて選択した。生存コロニーを拾い、高レベルのIGF-I受容体発現を提示するものを選択した。

【0067】

6月齢のCAF1/J雌性マウスを、第0日にY1251F突然変異したヒトIGF-I-受容体を過剰発

50

現する細胞 (5×10^5 細胞、0.2mL PBS中に懸濁) を用いて腹腔内に免疫感作した。動物を0.2mL細胞懸濁液を用いて次のように追加免疫した：第2日、 1×10^6 細胞；第5日、 2×10^6 細胞；第7、9、12、および23日、 1×10^7 細胞。第26日にマウスを犠牲にしてその脾臓を取除いた。

【0068】

脾臓を2つの艶消しガラススライド間で磨砕して単一細胞懸濁液を得て、これをペニシリンとストレプトマイシンを含有する無血清RPMI培地 (SFM) を用いて洗浄した。脾臓細胞ペレットを0.83% (w/v) 塩化アンモニウム水溶液10mL中に、10分間氷上で再懸濁し、赤血球を溶解し、次いで無血清培地 (SFM) を用いて洗浄した。脾臓細胞 (1.2×10^8) を非分泌マウス骨髓腫細胞系統P3X63Ag8.653 (ATCC、Rockville, MD; Cat.#CRL1580) からの骨髓腫細胞 (4×10^7) とともにチューブ中にプールし、そして無血清RPMI-1640培地 (SFM) を用いて洗浄した。上清を除去して細胞ペレットを残りの培地中に再懸濁した。チューブを37℃の水の入ったピーカー内に置いて、チューブを静かに振りながら、1.5mLのポリエチレングリコール溶液 (50% (w/v) PEG、平均分子量1500を含有する75mM HEPES、pH 8) をゆっくりと0.5mL/分の滴下速度で加えた。1分間待った後に、10mLのSFMを次のように加えた：最初の1分間にわたり1mL、次の1分間にわたり2mL、そして第3の1分間にわたり7mL。次いでさらに10mLをゆっくりと1分間にわたり加えた。細胞を遠心分離によりペレット化し、SFM中で洗浄し、5%胎児ウシ血清(FBS)、ヒポキサンチン/アミノプテリン/チミジン (HAT)、ペニシリン、ストレプトマイシン、および10%ハイブリドーマクローニングサブプリメント (HCS) を補充したRPMI-1640増殖培地中に再懸濁した。細胞を96ウェル平底組織培養プレート中に、1ウェル当たり200μL中の 2×10^5 脾臓細胞の割合で播いた。5～7日後に、1ウェル当たり100μLを取除いて、ヒポキサンチン/チミジン (HT) および5%FBSを補充した増殖培地と置換えた。免疫感作およびハイブリドーマ産生に用いた一般条件は、J. LangoneおよびH. Vunakis (編, 「酵素学の方法 (Methods in Enzymology)」, Vol. 121, 「免疫化学技術、第I部 (Immunochemical Techniques, Part I)」; 1986; Academic Press, Florida) ならびにE. HarlowおよびD. Lane (「抗体：研究室マニュアル (Antibodies: A Laboratory Manual)」; 1988; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York) に記載された通りである。他の免疫感作およびハイブリドーマ産生の技術も利用することができ、当業者は周知している。

【0069】

ハイブリドーマクローンから得た培養物上清を、ELISAにより、精製ヒトIGF-I受容体との結合について、ELISAとFACSにより、ヒトIGF-I受容体を過剰発現する細胞との特異的結合についておよびヒトインスリン受容体を過剰発現する細胞との結合の欠如について、以下に記載の通りスクリーニングした。ヒトIGF-I受容体を過剰発現する細胞に対する結合親和性がヒトインスリン受容体を過剰発現する細胞に対する結合親和性より高いクローンを拡大してサブクローニングした。サブクローンの培養上清を上記結合アッセイによってさらにスクリーニングした。この方法で、サブクローン3F1-C8-D7 (EM164) を選択し、重および軽鎖遺伝子をクローニングし、そして下記の通り配列決定した。

【0070】

ハイブリドーマクローンから得た上清をIGF-I受容体との結合についてスクリーニングするのに用いるため、以下の方法によりヒトIGF-I受容体を単離した。組換えIGF-Iをビオチン化試薬、例えばスルホ-NHS-LC-ビオチン、スルホ-NHS-SS-ビオチン、またはNHS-PEO₄-ビオチンを用いて改変することにより、ビオチン化IGF-Iを調製した。ビオチン化IGF-Iをストレプトアビジン-アガロースビーズ上に吸収させ、ヒト野生型またはY1251F突然変異体IGFRを過剰発現した細胞から得たライセートとともにインキュベートした。ビーズを2～4M尿素および界面活性剤、例えばトリトンX-100またはオクチル-β-グルコシドを含有するバッファーを用いて洗浄しかつ溶出した。溶出したIGF-I受容体をPBSに対して透析し、SDS-PAGEにより還元条件のもとで純度を分析し、その結果はIGF-I受容体のαおよびβ鎖バンドの分子量である約135kDaおよび95kDaをそれぞれ示した。

【0071】

ハイブリドーマ上清の精製 IGF-I 受容体との結合を確認するために、Immulon-4HB ELISA プレート (Dynatech) を、pH 9.5 の 50mM CHES バッファー中に希釈した (100 μ L; 4、一夜) 精製ヒト IGF-I 受容体サンプル (アフィニティ精製したサンプルの尿素 / オクチル- β -グルコシド溶出液から透析により調製した) を用いてコーティングした。ウエルをブロッキングバッファー (10mg/mL BSA を含む、50mM トリス、150mM NaCl、pH 7.5、および 0.1% tween-20 を含有する TBS-T バッファー) 200 μ L を用いてブロックし、ハイブリドーマクローン (100 μ L; ブロッキングバッファーに希釈された) からの上清とともに約 1 ~ 12 時間インキュベートし、TBS-T バッファーを用いて洗浄し、そしてヤギ抗マウス IgG-Fc 抗体 - 西洋わさびペルオキシダーゼ (HRP) コンジュゲート (100 μ L; 0.8 μ g/mL を含むブロッキングバッファー; Jackson ImmunoResearch Laboratories) とともにインキュベートし、次いで洗浄しそして ABTS/H₂O₂ 基質 (0.5mg/mL ABTS、0.03% H₂O₂ を含む 0.1M クエン酸バッファー、pH 4.2) を用いて 405nm にて検出した。典型的な 3F1 ハイブリドーマ サブクローンからの上清は約 1.2 吸収単位のシグナルを 3 分以内の発現で生じ、他のハイブリドーマクローンからの上清で得た 0.0 と対照的であった。この ELISA に対する一般条件は、E. H. Harlow および D. Lane (「抗体の利用: 研究室マニュアル (Using Antibodies: A Laboratory Manual)」; 1999, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York) に記載の抗体結合および検出に対する標準 ELISA 条件と類似し、この標準条件を利用することもできる。

10

【0072】

ハイブリドーマ上清のヒト IGF-I 受容体との特異的結合およびヒトインスリン受容体との非結合に対するスクリーニングを、ELISA を用いて、ヒト Y1251F-IGF-I 受容体過剰発現細胞系統およびヒトインスリン受容体過剰発現細胞系統について実施した。両方の細胞系統を IGF-I 受容体欠損マウスの 3T3 様細胞から作製した。IGF-I 受容体過剰発現細胞およびインスリン受容体過剰発現細胞を別々に組織培養フラスコから迅速トリプシン / EDTA 処理により収穫し、10% FBS を含有する増殖培地中に懸濁し、遠心分離によりペレット化し、そして PBS を用いて洗浄した。洗浄した細胞 (100 μ L、約 $1 \sim 3 \times 10^6$ 細胞/mL) を、植物性血球凝集素 (PHA) (100 μ L、20 μ g PHA/mL) を用いてコーティングした Immulon-2HB プレートのウエルに加え、遠心分離して PHA コーティングウエルに 10 分間接着させた。細胞が接着したウエルを指ではじいて PBS を除去し、次いで一夜 37℃ で乾燥した。ウエルを PBS 中の 5mg/mL BSA 溶液を用いて 1 時間 37℃ でブロックし、次いで静かに PBS を用いて洗浄した。次いでハイブリドーマクローン (100 μ L; ブロッキングバッファー中に希釈) からの上清のアリコートに IGF-I-受容体過剰発現細胞を含有するウエルおよびインスリン受容体過剰発現細胞を含有するウエルに加え、そして常温で 1 時間インキュベートした。ウエルを PBS を用いて洗浄し、ヤギ抗マウス IgG-Fc 抗体 - 西洋わさびペルオキシダーゼ コンジュゲート (100 μ L; ブロッキングバッファー中に 0.8 μ g/mL を含む) とともに 1 時間インキュベートし、次いで洗浄し、そして ABTS/H₂O₂ 基質を用いて検出した。典型的な 3F1 ハイブリドーマサブクローンからの上清は IGF-I 受容体を過剰発現する細胞とインキュベーションすると、12 分以内の発現で 0.88 吸収単位のシグナルを生じ、ヒトインスリン受容体を過剰発現する細胞とのインキュベーションで得た 0.22 吸収単位の値とは対照的であった。

20

30

【0073】

ハイブリドーマを Integra-CL350 フラスコ (Integra Biosciences, Maryland) 中で製造業者の明細書に従って増殖し、精製 EM164 抗体を得た。ほぼ 0.5 ~ 1 mg/mL 抗体の収率が、抗体標準を用いる ELISA および SDS-PAGE / クーマシーブルー染色による定量に基づいて、Integra フラスコから収穫した上清から得られた。抗体をアフィニティクロマトグラフィにより、プロテイン A - アガロースビーズカラム上に標準精製条件のもとで供給して精製し、3M NaCl を含有する 100mM トリスバッファー、pH 8.9 で洗浄し、次いで 150mM NaCl を含有する 100 mM 酢酸溶液に溶出した。抗体を含有する溶出した画分を冷 2 M K₂HPO₄ 溶液により中和して、PBS 中で 4℃ にて透析した。抗体の濃度は、280nm で測定することにより決定した (吸光係数 = $1.4 \text{mg}^{-1} \text{mLcm}^{-1}$)。精製抗体サンプルを還元条件下の SDS-PAGE および クーマシーブルー染色により分析し、その結果は、それぞれ約 55kDa および 25kDa である抗体の

40

50

重および軽鎖のバンドだけを示した。精製抗体のイソ型は κ 軽鎖をもつ IgG₁ であった。

【0074】

B. EM164抗体の結合特性

精製EM164抗体の特異的結合を、蛍光活性化細胞選別（フローサイトメトリー）（FACS）によりIGF-I受容体を過剰発現する細胞を用いておよびヒトインスリン受容体を過剰発現する細胞を用いて実証した（図1）。100 μ L冷FACSバッファー（1mg/mL BSAを含むダルベッコ（Dulbecco's）MEM培地）中のEM164抗体（50-100nM）のインキュベーションを、IGF-I受容体を過剰発現する細胞を用いておよびインスリン受容体を過剰発現する細胞を用いて（ 2×10^5 細胞/mL）、丸底96ウェルプレート中で1時間実施した。細胞を遠心分離によりペレット化し、冷FACSバッファーを用いて静かに指ではじくことにより洗浄し、次いでヤギ抗マウスIgG抗体-FITCコンジュゲート（100 μ L；10 μ g/mL FACSバッファー）とともに氷上で1時間インキュベートした。細胞をペレット化し、洗浄し、そしてPBS中の1%ホルムアルデヒド溶液120 μ Lに再懸濁した。プレートをFACS Caliburリーダー（BD Biosciences）を用いて分析した。

10

20

30

40

50

【0075】

IGF-I受容体を過剰発現する細胞をEM164抗体とインキュベートすると強い蛍光シフトが得られ、インスリン受容体を過剰発現する細胞をEM164抗体とインキュベートしたときに得た非有意なシフトとは対照的であった（図1）。この結果はEM164抗体のIGF-I受容体との結合が選択的であって、インスリン受容体とは結合しないことを示した。対照抗体である、抗IGF-I受容体抗体1H7（Santa Cruz Biotechnology）および抗インスリン受容体 α 抗体（BD Pharmingen Laboratories）は、それぞれIGF-I受容体およびインスリン受容体を過剰発現する細胞とインキュベートすると蛍光シフトを生じた（図1）。強い蛍光シフトはまた、IGF-I受容体を発現するEM164抗体およびヒト乳癌MCF-7細胞（Dufourny, B.ら, 1997, J. Biol. Chem., 272, 31163-31171）を用いるFACSアッセイによっても観察され、この結果はEM164抗体がヒト腫瘍細胞の表面上のヒトIGF-I受容体と結合することを示した。

【0076】

EM164抗体のヒトIGF-I受容体との結合に対する解離定数（ K_d ）を、複数濃度における抗体の結合のELISA滴定により、直接コーティングしたIGF-I受容体（上記のとおり、ビオチン化IGF-Iを用いてアフィニティ精製された）または間接的に捕獲したビオチン化IGF-I受容体により決定した。ビオチン化IGF-I受容体を、IGF-I受容体を過剰発現する細胞からPEO-マレイミド-ビオチン試薬（Pierce, Molecular Biosciences）を用いて界面活性剤可溶化ライセートのビオチン化により調製し、これをNHS-アガロースビーズ上に固定した抗IGF-I受容体 β 鎖抗体を用いてアフィニティ精製し、NP-40界面活性剤を含有するバッファー中の2~4M尿素溶液を用いて溶出し、そしてPBSに透析した。

【0077】

EM164抗体のビオチン化IGF-I受容体との結合に対する K_d の測定は、Immulon-2HBプレートを、炭酸バッファー（150mM炭酸ナトリウム、350mM炭酸水素ナトリウム）中の1 μ g/mLストレプトアビジン溶液100 μ Lを用いて4 ーで一夜、コーティングして実施した。ストレプトアビジンでコーティングしたウェルを、ブロッキングバッファー（10mg/mL BSAを含むTBS-Tバッファー）200 μ Lを用いてブロックし、TBS-Tバッファーを用いて洗浄し、そしてビオチン化IGF-I受容体（10~100ng）とともに4時間常温でインキュベートした。間接的に捕獲したビオチン化IGF-I受容体を含有するウェルを次いで洗浄し、そしてEM164抗体とブロッキングバッファー中で複数の濃度（ 5.1×10^{-13} M ~ 200nM）において2時間、常温でインキュベートし、次いで一夜4 ーにてインキュベートした。ウェルを次にTBS-Tバッファーを用いて洗浄し、そしてヤギ抗マウスIgG_{H+L}抗体-西洋わさびペルオキシダーゼコンジュゲート（100 μ L；0.5 μ g/mLを含むブロッキングバッファー）とインキュベートし、次いで洗浄し、そしてABTS/H₂O₂基質を用いて405nmにて検出した。 K_d 値を1つの部位との結合に対する非線形回帰により計算した。

【0078】

同様な結合滴定を、E. HarlowおよびD. Lane (「抗体の利用：研究室マニュアル (Using Antibodies: A Laboratory Manual)」; 1999, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York) に記載のように、抗体のパパイン消化により調製したEM164抗体のFabフラグメントを用いて実施した。

【0079】

EM164抗体のビオチン化ヒトIGF-I受容体との結合に対する結合滴定曲線から、0.1nMの K_d 値を得た(図2)。EM164抗体のFabフラグメントもヒトIGF-I受容体と0.3nMの K_d 値で非常に強く結合し、この結果は、EM164抗体のIGF-I受容体に対するモノマー結合も非常に強いことを示した。

【0080】

EM164抗体によるIGF-I受容体の結合に対する解離定数のこの極めて低い値は一部は非常に遅い k_{off} 速度によるものであって、これは1~2日の長い洗浄後に観察される固定されたIGF-I受容体と結合した抗体の強い結合シグナルにより立証された。

【0081】

EM164抗体はIGF-I受容体の免疫沈降に使用することができ、これはヒト乳癌MCF-7細胞の界面活性剤可溶化ライセートのプロテインG-アガロースビーズ上に固定されたEM164抗体(Pierce Chemical Company)とのインキュベーションにより実証される。EM164抗体免疫沈降のウェスタンブロットを、ウサギポリクローナル抗IGF-I受容体 β 鎖(C-末端)抗体(Santa Cruz Biotechnology)およびヤギ抗ウサギIgG抗体西洋わさびペルオキシダーゼコンジュゲートを用いて処理し、次いで洗浄し、そして増強化学発光(ECL)検出により検出した。MCF-7細胞からのEM164免疫沈降物のウェスタンブロットは、IGF-I受容体の β 鎖に対応するバンドを約95kDaに、そしてプロIGF-I受容体に対応するバンドを約220kDaに表した。同様な免疫沈降をEM164抗体の結合の種特異性を調べるために他の細胞型に対して実施した。EM164抗体はcos-7細胞(アフリカミドリザル)からのIGF-I受容体とも結合したが、3T3細胞(マウス)、CHO細胞(チャイニーズハムスター)またはヤギ線維芽細胞(ヤギ)のIGF-I受容体と結合しなかった。EM164抗体はMCF-7細胞からのライセートのウェスタンブロット中のSDS変性ヒトIGF-I受容体を検出しなかった。この結果は、EM164抗体が自然の、非変性ヒトIGF-I受容体のコンフォメーションのエピトープと結合することを示した。

【0082】

EM164抗体の結合ドメインを、16量体C末端片(残基704~719)と融合したL1およびL2ドメインにフランキングするシステインリッチドメイン(残基1~468)を含みかつC末端エピトープタグで終わる末端切断 α 鎖構築物を用いてさらに特徴づけた。残基469~703を欠如するこのより小さいIGF-I受容体は、IGF-Iと結合するが、未変性の全長IGF-I受容体と比較すると強さが劣ると報じられている(Molina, L.ら, 2000, FEBS Letters, 467, 226-230; Kristensen, C.ら, 1999, J. Biol. Chem., 274, 37251-37356)。そこで、残基704~719であるC末端片と融合した残基1~468を含み、かつC末端mycエピトープタグがフランキングする末端切断IGF-I受容体 α 鎖構築物を調製した。この構築物を発現する安定な細胞系統であって、かつまたこの構築物をヒト胚腎293T細胞において一過的に発現する細胞系統を構築した。EM164抗体のこの末端切断IGF-I受容体 α 鎖構築物との強い結合が観察された。試験した2つの抗体のうち、IR3(Calbiochem)もこの末端切断 α 鎖と結合したが、1H7抗体(Santa Cruz Biotechnology)は結合せず、これはEM164抗体のエピトープが明らかに1H7抗体のそれとは別であることを示した。

【0083】

C. EM164抗体による、IGF-IのMCF-7細胞との結合の阻害

IGF-Iのヒト乳癌MCF-7細胞との結合はEM164抗体により阻害された(図3)。MCF-7細胞を5 μ g/mL EM164抗体とともにまたはEM164抗体なしで2時間、無血清培地においてインキュベートし、次いで50ng/mLビオチン化IGF-Iとともに20分間、37℃にてインキュベートした。次いで細胞を2回、無血清培地を用いて洗浄して非結合ビオチン-IGF-Iを除去し、次いで1% NP-40およびプロテアーゼ阻害剤を含有する50mM HEPES、pH 7.4中に溶解した。Im

10

20

30

40

50

mulon-2HB ELISAプレートにマウスモノクローナル抗IGF-I受容体β鎖抗体を用いてコーティングし、これを用いてライセートからIGF-I受容体および結合したビオチン-IGF-Iを捕獲した。コーティングされた抗体のIGF-I受容体β鎖細胞質C末端ドメインとの結合は、ビオチン-IGF-IのIGF-I受容体細胞外ドメインとの結合を妨げなかった。ウエルを洗浄し、ストレプトアビジン-西洋わさびペルオキシダーゼコンジュゲートとともにインキュベートし、再び洗浄し、次いでABTS/H₂O₂基質を用いて検出した。5 μg/mL EM164抗体によるMCF-7細胞に対するIGF-I結合の阻害は本質的に定量的であって、ビオチン-IGF-Iを欠く対照を用いて得たELISAバックグラウンドのそれとほとんど同等であった。

【0084】

EM164抗体によるIGF-IのMCF-7細胞との結合の阻害に対する上記アッセイに加えて、次のアッセイはEM164抗体がMCF-7細胞に結合したIGF-Iと極めて効果的に置換わることを実証し、これは生理学的条件のもとで拮抗性抗IGF-I受容体抗体が結合した内因生理学的リガンド（例えば、IGF-IまたはIGF-II）と置換わるために所望されることである。このIGF-I置換えアッセイにおいて、12ウエルプレート中で増殖したMCF-7細胞を血清飢餓させ、次いでビオチン化IGF-I（20～50ng/mL）とともに無血清培地中で37（または4）にて1～2時間インキュベートした。結合したビオチン化IGF-Iをもつ細胞を、次いでEM164抗体または対照抗体（10-100 μg/mL）を用いて37（または4）で30分間～4時間処理した。次いで細胞をPBSを用いて洗浄し、1% NP-40を含有する溶解バッファー中で4で溶解した。ELISAを上記の通り実施し、ライセートからIGF-I受容体を捕獲し、次いで受容体と結合したビオチン化IGF-Iをストレプトアビジン-西洋わさびペルオキシダーゼコンジュゲートを用いて検出した。このELISAは、EM164抗体が細胞に前結合したビオチン化IGF-Iと37にてほぼ完全に（30分間以内に90%および4時間以内に～100%）かつ4にて2時間で約50%だけ置換わりうることを実証した。他の実験においては、NCI-H838肺癌細胞をビオチン-IGF-Iとともにインキュベートし、次いで洗浄し、そしてEM164抗体とともに4にて2時間インキュベートして、結合したビオチン-IGF-Iの80%減少を得た。従ってEM164抗体は、癌細胞から前結合したIGF-Iを追い出す点で極めて有効であり、これは結合した内因性生理学的リガンドを追い出すことによるIGF-I受容体の拮抗作用として治療上重要でありうる。

【0085】

抗IGF-I受容体β鎖抗体（Santa Cruz Biotechnology；sc-713）を用いるウェスタンブロット分析に基づくと、MCF-7細胞のEM164抗体との4で2時間（または37で30分間）のインキュベーションはIGF-I受容体の有意な下方調節を生じなかったが、EM164抗体との37で2時間のさらに長いインキュベーションはIGF-I受容体の25%下方調節を生じた。従って、これらの短時間実験における4および37にてのEM164抗体によるIGF-Iの結合の阻害および結合したIGF-Iの置換えは、EM164抗体の結合による受容体の下方調節によって説明することができない。IGF-IのIGF-I受容体との結合の強力な阻害およびEM164抗体による前結合したIGF-Iの置換えの機構は、結合部位の共有を介してまたは立体閉塞を介してまたはアロ立体効果を介しての結合に対する競合であると思われる。

【0086】

D．EM164抗体による、IGF-I受容体が媒介する細胞シグナル伝達の阻害

乳癌MCF-7細胞および骨肉腫SaOS-2細胞のEM164抗体による処理は細胞内IGF-I受容体シグナル伝達をほとんど完全に阻害した。これをIGF-I受容体自己リン酸化の阻害によりおよびその下流のエフェクター、例えばインスリン受容体基質-1（IRS-1）、AktおよびErk1/2（図4～6）のリン酸化の阻害により示す。

【0087】

図4においては、MCF-7細胞を12ウエルプレート中で通常培地で3日間増殖し、次いで20 μg/mL EM164抗体（または抗B4対照抗体）を用いて無血清培地で3時間処理し、次に50 ng/mL IGF-Iを用いて20分間37で刺激した。次いで細胞を、プロテアーゼおよびホスファターゼインヒビターを含有する氷冷溶解バッファー（50mM HEPESバッファー、pH 7.4、1% NP-40、1mM オルトパナジン酸ナトリウム、100mM フッ化ナトリウム、10mM ピロリン酸ナ

トリウム、2.5mM EDTA、10 μ Mロイペプチン、5 μ Mペプスタチン、1mM PMSF、5mMベンズアミジン、および5 μ g/mLアプロチニン)中に溶解した。ELISAプレートを抗IGF-I受容体 β 鎖C末端モノクローナル抗体TC123を用いてプレコートし、そしてライセートサンプルとともに5時間常温でインキュベートし、IGF-I受容体を捕獲した。次いで捕獲したIGF-I受容体を含むウエルを洗浄し、ビオチン化抗ホスホチロシン抗体(PY20; 0.25 μ g/mL; BD Transduction Laboratories)とともに30分間インキュベートし、次いで洗浄し、ストレプトアビジン-西洋わさびペルオキシダーゼコンジュゲート(0.8 μ g/mL)とともに30分間インキュベートした。ウエルを洗浄し、ABTS/H₂O₂基質を用いて検出した。対照抗B4抗体を使用すると、IGF-I受容体のIGF-I刺激自己リン酸化の無阻害を示した。対照的に、EM164抗体を用いて処理するとIGF-I受容体のIGF-I刺激自己リン酸化の完全な阻害を得た(図4)。

10

【0088】

インスリン受容体基質-1(IRS-1)のリン酸化の阻害を実証するため、固定した抗IRS-1抗体を使ってライセートからIRS-1を捕獲するELISAを用い、次いでホスホリル化IRS-1と結合するホスファチジルイノシトール-3-キナーゼ(PI3キナーゼ)に随伴するp85サブユニットを測定した(Jackson, J. G.ら, 1998, J. Biol. Chem., 273, 9994-10003)。図5において、MCF-7細胞を5 μ g/mL抗体(EM164またはIR3)とともに無血清培地において2時間処理し、次いで50ng/mL IGF-Iを用いて10分間37℃にて刺激した。抗IRS-1抗体(ウサギポリクローナル; Upstate Biotechnology)を間接的にELISAプレート上にコーティングしたヤギ抗ウサギIgG抗体とのインキュベーションにより捕獲し、次いでこれを利用して細胞ライセートからIRS-1を4℃の一夜インキュベーションにより捕獲した。次いでウエルをマウスモノクローナル抗p85-PI3キナーゼ抗体(Upstate Biotechnology)と4時間インキュベートし、次に、ヤギ抗マウス-IgG-抗体-HRPコンジュゲートにより30分間処理した。ウエルを次いで洗浄し、ABTS/H₂O₂基質を用いて検出した(図5)。図5に示すように、EM164抗体によるIGF-I-刺激IRS-1リン酸化の阻害はIR3抗体より効果的であり、かつEM164抗体はIGF-Iの不在の細胞とインキュベートしたとき、IRS-1リン酸化に対する作動活性を示さなかった。

20

【0089】

他の下流エフェクター、例えばAktおよびErk1/2の活性化も、SaOS-2細胞(図6)およびMCF-7細胞においてEM164抗体により用量に依存する様式で阻害され、これはライセートのウェスタンブロットおよびリン酸化特異的抗体(ウサギポリクローナル抗-ホスホ-Ser⁴⁷³Aktポリクローナルおよび抗ホスホ-ERK1/2抗体; Cell Signaling Technology)を用いて示した通りである。汎ERK抗体は全てのレーンで等しいタンパク質負荷を示した(図6)。EM164抗体によるSaOS-2細胞の処理は、Erk1/2のEGF-刺激リン酸化を阻害せず、従ってIGF-I受容体シグナル伝達経路のEM164抗体による阻害の特異性を実証した。

30

【0090】

E. EM164抗体による、ヒト腫瘍細胞のIGF-I-、IGF-II-および血清-刺激増殖および生存の阻害

複数のヒト腫瘍細胞系統を、無血清条件でIGF-Iに対するそれらの増殖および生存応答について試験した。これらの細胞系統をIGF-I、IGF-II、または血清の存在のもとでEM164抗体を用いて処理し、それらの増殖および生存応答をMTTアッセイを用いて2~4日後に測定した。ほぼ1500細胞を96ウエルプレートで通常培地にまいて、翌日、それを無血清培地(トランスフェリンおよびBSAを補充した無血清RPMI培地、またはDufourny, B.ら, 1997, J. Biol. Chem., 272, 31163-31171が規定したフェノールレッドを含まない培地のいずれか)と置換えた。無血清培地における増殖の1日後に、細胞を約75 μ Lの10 μ g/mL抗体とともに30分間~3時間インキュベートし、次いで25 μ LのIGF-I(またはIGF-IIまたは血清)溶液を加えて、10ng/mL IGF-I、または20ng/mL IGF-II、または0.04~10%血清の最終濃度を得た。複数の実験において、細胞を最初IGF-Iを用いて15分間刺激した後にEM164抗体を加えるか、またはIGF-IとEM164抗体の両方を一緒に加えた。次いで細胞をさらに2~3日増殖させた。次いでMTT(3-(4,5)-ジメチルチアゾール-2-イル)-2,5-ジフェニル

40

50

テトラゾリウムブロミド)のPBS中の5mg/mL溶液、25 μ Lを加え、細胞をインキュベーターに戻して2～3時間置いた。次いで培地を除去して、100 μ L DMSOと置き換え、混合し、そしてプレートの吸収を545nmにて測定した。複数のヒト腫瘍細胞系統はIGF-IまたはIGF-IIまたは血清を加えると増殖および生存の応答を示し、その応答はEM164抗体により有意に阻害され、抗体をIGF-Iの前に加えたか、またはIGF-Iを抗体の前に加えたか、またはIGF-Iと抗体の両方を一緒に加えたかどうかとは無関係であった(表1)。

【表1】

表1 EM164抗体による、腫瘍細胞のIGF-I刺激増殖および生存の阻害

腫瘍細胞型	IGF-Iに対する増殖応答倍数 (MTT アッセイ: 無血清培地中の IGF-I 処理-対-無処理細胞の比) ^a	EM164 抗体による、無血清培地中の IGF-I に刺激された増殖の%阻害	EM164 抗体による、1.25～10%血清中の細胞の増殖/生存の阻害 ^b
MCF-7 (乳房)	1.7-2.8	100%	85%
HT-3 (子宮頸)	2	70～90%	不検出
Colo 205 (大腸)	2.3	50%	有
IIT-29	1.5	60%	有
NCI-H838 (肺)	3	100%	85-90%
Calu-6	1.6～1.8	85%	有
SK-LU-1	1.4	100%	無
NCI-H596	1.4	100%	弱
A 549	1.2	80%	不検出
A 375 (黒色腫)	1.6	90%	無
SK-Mel-37	1.4	85%	不検出
RD (横紋筋腫)	1.7	85～100%	有
SaOS-2 (骨肉腫)	2.5	100%	有
A 431 (類表皮)	2.2	85%	有
SK-N-SH (神経芽細胞腫)	2	85%	30～50%

^a 5～10 μ g/mL EM164 抗体を含有する無血清培地において、10ng/mL IGF-I に応答する細胞の3～4日増殖/生存の MTT アッセイ

^b 対照(血清を伴うが抗体を伴わない)との比較に基づく MTT アッセイまたはコロニー形成アッセイによる、5～10 μ g/mL EM164 抗体の存在のもとでの1.25～10%血清中の細胞増殖の阻害; 阻害の程度は対照(血清を伴わないが抗体を伴う、および血清を伴うが抗体を伴わない)との比較に基づいて MCF-7、NCI-H838 および SK-N-SH 細胞に対して数値的に測定し、細胞による自己分泌/パラ分泌 IGF-刺激に割当てた。ND はデータが無いまたは染色困難のために精度の悪いデータを示す。

【0091】

EM164抗体は、乳癌MCF-7細胞(図7および8)のIGF-Iまたは血清刺激増殖および生存を強く阻害した。別の実験において、EM164抗体はMCF-7細胞のIGF-II刺激増殖および生存を強く阻害した。市販の抗体、例えばIR3抗体を用いる先の報告は、図7でIR3および1H7抗体に対して確認したように、MCF-7細胞の血清刺激増殖および生存に弱い阻害だけを示した(Cullen, K. J.ら, 1990, Cancer Res., 50, 48-53)。対照的に、EM164抗体はMCF-7細胞の血清またはIGF刺激増殖の強力な阻害剤であった。図8に示したように、EM164抗体は広範囲の血清濃度(0.04～10%血清)にわたってMCF-7細胞の増殖および生存を等し

く有効に阻害した。

【0092】

EM164抗体によるMCF-7細胞の増殖阻害を細胞数の計測により測定した。すなわち、12ウェルプレートにおいて、約7500の細胞を、 $10\mu\text{g/mL}$ EM164抗体の存在または不在のもとで10% FBSを含むRPMI培地中にまいた。増殖の5日後に、無処理の対照サンプルの細胞数は 2.05×10^4 細胞であり、EM164抗体処理サンプルのわずか 1.7×10^4 細胞の細胞数と対照的であった。EM164抗体による処理は、MCF-7細胞の増殖を5日間に約12倍だけ阻害した。EM164抗体によるこの阻害は、報じられたMCF-7細胞に対する6日間アッセイでのIR3抗体を用いる2.5倍の阻害 (Rohlik, Q. T.ら, 1987, Biochem. Biophys. Res. Commun., 149, 276-281) より有意に大きかった。

10

【0093】

非小細胞肺癌系統NCI-H838のIGF-Iおよび血清刺激増殖および生存もまた、EM164抗体により、対照抗B4抗体と比較して強く阻害された (図9)。無血清培地中のEM164抗体による処理は、NCI-H838とMCF-7細胞の両方に対して、無処理サンプルより小さいシグナルを産生したが、それは恐らく、EM164抗体はこれらの細胞の自己分泌およびパラ分泌IGF-IおよびIGF-II刺激も阻害したからであろう (図7および9)。HT29大腸癌細胞のコロニーサイズも、EM164抗体により処理すると非常に減少した。

【0094】

従ってEM164抗体は、腫瘍細胞、例えばMCF-7細胞およびNCI-H838細胞の血清刺激増殖を80%以上阻害することでその有効性が公知の全ての抗IGF-I受容体抗体のなかでもユニークな存在である。

20

【0095】

EM164抗体は細胞周期のG0/G1期における増殖停止を引起し、IGF-Iの分裂促進効果は無効にした。細胞周期分析について、MCF-7細胞をIGF-I (20ng/mL) を用いてEM164 ($\mu\text{g/mL}$) の存在または不在のもとで1日間処理し、次いでヨウ化プロピジウム染色とフローサイトメトリーにより分析した。図25に示すように、EM164不在のもとでIGF-I刺激に応答する細胞のサイクリング (細胞の41%がS期そして50%がG0/G1期) が、EM164処理細胞においては抑制された (細胞わずかに9%がS期そして77%がG0/G1期)。

【0096】

細胞増殖の阻害に加え、EM164抗体処理は細胞のアポトーシスをもたらした。アポトーシスの測定については、EM164の存在または不在のもとで1日間IGF-Iまたは血清とともにインキュベートしたNCI-H838肺癌細胞において、カスパーゼによるサイトケラチンCK18タンパク質の切断を測定した (図26)。EM164の不在のもとで、IGF-Iまたは血清を加えると、無IGF-I対照と比較してカスパーゼ切断されたCK18シグナルが低下し、IGF-Iおよび血清はカスパーゼの活性を阻止することを示した。EM164を用いて処理するとIGF-Iおよび血清の抗アポトーシス効果を抑制し、それはEM164存在時の切断されたCK18レベルがEM164不在時のそれより大きいことにより示された (図26)。

30

【0097】

F. 他の細胞毒性および細胞分裂停止作用薬と併用したEM164抗体による、ヒト腫瘍細胞の増殖および生存の相乗的阻害

40

EM164抗体のタキソールとの併用投与は、非小細胞肺癌CaLu6細胞の増殖および生存に対してタキソール単独より有意に阻害性があった。同様に、EM164抗体のカンプトセシンの併用は、大腸癌HT29細胞の増殖および生存に対してカンプトセシン単独より有意に阻害性があった。EM164抗体単独では有機の化学毒性薬と同じような毒性は期待されないので、EM164抗体の主に細胞分裂停止効果と化学毒性薬の細胞傷害効果の間の相乗作用は、臨床環境における併用癌治療法に非常に効果的でありうる。

【0098】

EM164抗体の抗EGF受容体抗体 (KS77) との併用効果は、複数の腫瘍細胞系統、例えばHT-3細胞、RD細胞、MCF-7細胞、およびA431細胞の増殖および生存に対して、EM164抗体またはKS77抗体単独より有意に高い阻害性があった。従って、2種の増殖因子受容体、例えば

50

IGF-I受容体およびEGF受容体に対する中和化抗体を併用することの相乗効果はまた、臨床癌治療において有用でありうる。

【0099】

EM164抗体の細胞傷害薬とのコンジュゲートはまた、IGF-I受容体を過剰発現する腫瘍に標的を定めた細胞傷害薬の送達において貴重である。EM164抗体の放射標識または他の標識とのコンジュゲートは、IGF-I受容体を過剰発現する腫瘍の治療およびイメージングに利用することができる。

【0100】

G. 単一作用薬としてまたは抗癌薬と併用する場合、免疫不全マウスのヒト癌異種移植片におけるEM164処理の効果

ヒト非小細胞肺癌Calu-6異種移植片を免疫不全マウス中に、 1×10^7 Calu-6細胞の皮下注射により確立した。図10に示すように、確立された 100mm^3 Calu-6異種移植片を含有するこれらのマウスを、1処理グループ当たり5匹のマウスを用いて、EM164抗体単独（0.8mg/マウスの6注射、静脈内、毎週2回）またはタキソール単独（タキソールの5注射、腹腔内、毎週2回；15mg/kg）、またはタキソールとEM164抗体処理の併用、またはPBS単独（200 μL /マウス、6注射、毎週2回、静脈）によって処理した。腫瘍の増殖は、EM164抗体処理により、PBS対照と比較して有意に遅くなった。EM164抗体は、マウスの体重測定に基づいて毒性が観察されなかった。タキソール単独処理は14日まで有効であったが、その後腫瘍は増殖を回復し始めた。しかしタキソールとEM164抗体の併用により処理したグループでは、タキソール単独で治療したグループと比較して腫瘍の増殖が有意に遅くなった。

【0101】

ヒト膀胱癌異種移植片を、5週齢雌性SCID/ICRマウス（Taconic）に 10^7 BxPC-3細胞を含むPBSを皮下注射することにより確立した（第0日）。 80mm^3 の確立された腫瘍を抱くマウスを、次いでEM164単独（0.8mg/マウスの13回注射；側方尾静脈の静脈内、第12、16、19、23、26、29、36、43、50、54、58、61および64日に）、ゲムシタピン単独（150mg/kg/マウスの2回注射；腹腔内、第12および19日に）、上記スケジュールによるゲムシタピンとEM164の併用、PBS単独、および対照抗体単独（EM164と同じスケジュール）によって、5処理グループのそれぞれに5匹のマウスを用いて、処理した。図27に示したように、EM164単独、またはゲムシタピンとの併用による処理は、最初に、EM164処理グループ中の5動物の4動物および併用処理グループの全動物に腫瘍異種移植片の全退行が生じた。1以上の動物の測定しうる腫瘍再増殖は、EM164グループにおいて第43日に、そして併用治療グループにおいて第68日に見られ、対照処理グループと比較して第74日に有意に小さい平均腫瘍容積を生じただけであった（それぞれ $P = 0.029$ および 0.002 ；ツー・テイルドT検定（two-tailed T-test）；図27）。他の研究において、EM164抗体処理（単独または抗EGF受容体抗体と併用；腹腔内注射）は確立されたマウス中のBxPC-3異種移植片の増殖を阻害した。

【0102】

H. EM164抗体の軽および重鎖のクローニングと配列決定

EM164ハイブリドーマ細胞から得た全RNAを精製した。逆転写酵素反応を、4～5 μg 全RNAおよびオリゴdTもしくは無作為ヘキサマープライマーのいずれかを用いて実施した。

【0103】

PCR反応をCoら（J. Immunol., 148, 1149-1154（1992））が記載したRACE法およびWangら（J. Immunol. Methods, 233, 167-177（2000））が記載した変性プライマーを用いて実施した。RACE PCR法は、第1鎖cDNAの3'末端にポリGテールリングを加える中間ステップを必要とした。RT反応物をQiageneasy（Qiagen）カラムを用いて精製し、50 μL 1X NEBバッファ-4で溶出した。dGテールリング反応はその溶出物に、0.25mM CoCl_2 、1mM dGTP、および5単位の末端トランスフェラーゼ（NEB）を含む1X NEBバッファ-4を用いて実施した。その混合物を37℃にて30分間インキュベートし、次いで反応物（10 μL ）の1/5を直接PCR反応に加えてテンプレートDNAとして利用した。

10

20

30

40

50

【 0 1 0 4 】

RACEと変性PCR反応は、プライマーとテンプレートの相違を除くと、同じ反応であった。末端トランスフェラーゼ反応物をRACE PCRテンプレートに直接使用する一方、RT反応混合物を変性PCR反応に直接使用した。

【 0 1 0 5 】

RACEおよび変性PCR反応において、同じ3'軽鎖プライマー：
HindKL - tatagagctcaagcttggatggtgggaagatggatacagttggtgc (配列番号14)、
および3'重鎖プライマー：
Bgl2lgG1 - ggaagatctatagacagatgggggtgtcgttttggc (配列番号15)
を使用した。

10

【 0 1 0 6 】

RACE PCRにおいて、軽および重鎖の両方に対して、1つのポリC5'プライマー：
EcoPolyC - TATATCTAGAATCCCCCCCCCCCCCCCC (配列番号16)
を用いる一方、縮重5'末端PCRプライマーは、軽鎖に対して：
Sac1MK - GGGAGCTCGAYATTGTGMTSACMCARWCTMCA (配列番号17)、
および重鎖に対して：
EcoR1MH1 - CTTCCGGAATTCsARGTNMAGCTGSAGSAGTC (配列番号18)と
EcoR1MH2 - CTTCCGGAATTCsARGTNMAGCTGSAGSAGTCWGG (配列番号19)
の等しい混合物であった。

【 0 1 0 7 】

上記プライマー配列において、混合塩基は次のとおり定義した： $H = A + T + C$ 、 $S = g + C$ 、 $Y = C + T$ 、 $K = G + T$ 、 $M = A + C$ 、 $R = A + g$ 、 $W = A + T$ 、 $V = A + C + G$ 。

20

【 0 1 0 8 】

PCR反応を、次のプログラムを用いて実施した：1)94 3分間、2)94 15秒間、3)45 1分間、4)72 2分間、5)ステップ2)に戻るサイクリング29回、および6)72 10分間の最終伸長による完了。

【 0 1 0 9 】

PCR産物を、PCRプライマーにより作製した制限酵素切断部位を利用してpBluescript II SK+ (Stratagene) 中にクローニングした。

【 0 1 1 0 】

複数の個々の軽および重鎖クローンを、通常の方法により配列決定して同定し、起こりうるポリメラーゼが起こす配列誤差を回避した (図12および13)。Chotia正準分類定義を用いて、3つの軽鎖および重鎖CDRを同定した (図12~14)。

30

【 0 1 1 1 】

NCBI IgBlastデータベースは、抗IGF-I受容体抗体軽鎖可変域はマウスIgVk Cr1生殖系列遺伝子由来である一方、重鎖可変域は恐らくIgVh J558.c生殖系列遺伝子由来であることを示した (図15)。

【 0 1 1 2 】

マウスEM164抗体のタンパク質配列決定を実施して図12および13に示した配列を確かめた。精製EM164抗体の軽および重鎖タンパク質をゲル (SDS-PAGE、還元条件) からPVDF膜に移し、PVDF膜から切除し、タンパク質配列決定により分析した。軽鎖のN末端配列をEdman配列決定によりDVLMTQTPLS (配列番号20) であると決定し、これはEM164ハイブリドーマから得たクローニングした軽鎖遺伝子のN末端配列と整合する。

40

【 0 1 1 3 】

重鎖のN末端はEdmanタンパク質配列決定に対してブロックされていることがわかった。質量1129.5 ($M+H^+$ 、モノアイソトープ) の重鎖のトリプシン消化ペプチドフラグメントをPSD (post-source decay) を経由してフラグメント化し、その配列がGRPDYYGSSK (配列番号21) であると決定した。質量2664.2 ($M+H^+$ 、モノアイソトープ) の重鎖の他のトリプシン消化ペプチドフラグメントもPSD (post-source decay) を経由してフラグメント化し、その配列がSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYFAR (配列番号22) であると決定した。これらの配列の

50

両方は、EM164ハイブリドーマから得たクローニングした重鎖遺伝子のCDR3およびフレームワーク3 (FR3) の配列と完全に整合する。

【0114】

I. EM164抗体の組換え発現

軽および重鎖の一对の配列を単一の哺乳類動物発現ベクター中にクローニングした (図16)。ヒト可変配列用のPCRプライマーにより、pBluescriptIIクローニングベクター中にヒトシグナル配列との結合を可能にする制限酵素切断部位を作製しておく一方、可変配列を哺乳類動物発現プラスミド中に、EcoRIとBsiWIまたはHindIIIとApaI部位を軽鎖または重鎖用にそれぞれ用いてクローニングした (図16)。軽鎖可変配列をインフレームでヒトIgK定常域にクローニングし、そして重鎖可変配列をヒトIg γ 1定常域配列中にクローニ

10

【0115】

実施例2: EM164抗体のヒト化バージョン

治療または診断薬として適当なヒト化バージョンを提供するためのEM164抗体の再表面形成は、全般的に米国特許第5,639,641号に開示された原理と方法に従い、次の通り進めた。

【0116】

A. 表面予測

解析された構造をもつ1セットの抗体に対する可変域残基の溶媒アクセシビリティを用いてマウス抗IGF-I受容体抗体 (EM164) 可変域の表面残基を予測した。1セットの127種のユニークな抗体構造ファイル (表2) に対するアミノ酸溶媒アクセシビリティを、MCソフトウェアパッケージ (Pedersenら, 1994, J. Mol. Biol., 235, 959-973) を用いて計算した。127種の構造のセットから10種の最も類似した軽鎖および重鎖アミノ酸配列を配列アラインメントにより決定した。それぞれの可変域残基に対する平均溶媒アクセシビリティを計算し、そして30%を超える平均アクセシビリティをもつ位置を表面残基とみなした。25%~35%の平均アクセシビリティをもつ位置をさらに、2つの同一フランキング残基をもつ構造だけに対して個々の残基アクセシビリティを計算することにより試験した。

20

【表 2】

表 2 抗 IGF-I 受容体抗体 (EM164) の表面を予測するために用いた、Brookhaven データベースからの 127 種の抗体構造

表面予測のために用いた 127 種の Brookhaven 構造ファイル									
2rcs	3hfl	3hfm	1aif	1a3r	1bbj	43c9	4fab	6fab	7fab
2gfb	2h1p	2hfl	1a6t	1axt	1bog	2hrp	2jel	2mc	2pcp
								p	
1yuh	2bfv	2cgr	8fab	1ae6	1bvl	2dbl	2f19	2fb4	2fbj
1sm3	1tet	1vfa	glb2	1a4j	1cly	1vge	1yec	1yed	lyee
1nsn	1opg	1osp	1aj7	1ay1	1clz	1plg	1psk	1rmf	1sbs
1ncd	1nfd	1ngp	1acy	1afv	1cbv	1nld	1nm	1nm	1nqb
							a	b	
1mcp	1mfb	1mi	15c8	1a5f	1axs	1mlb	1mp	1nbv	1ncb
		m					a		
1jrh	1kb5	1kel	1ap2	1b2	1adq	1kip	1kir	1lve	1ma
				w					m
1igi	1igm	1igt	1ad0	1baf	1cfv	1igy	1ikf	1jel	1jhl
1gpo	1hil	1hyx	1a0q	1bjm	1clo	1iai	1ibg	1igc	1igf
1fpt	1frg	1fvc	1aqk	1bln	1d5b	1gaf	1ggi	1ghf	1gig
1fai	1fbi	1fdl	1ad9	1bbd	1f58	1fgv	1fig	1flr	1for
	1dbl	1dfb	1a3l	1bfo	1eap	1dsf	1dvf		

10

20

30

【0117】

B. 分子モデル

マウス EM164 の分子モデルを、Oxford Molecular 社ソフトウェアパッケージ AbM を用いて作製した。抗体フレームワークは、最も類似したアミノ酸配列をもつ抗体に対する構造ファイルから、すなわち軽鎖に対して 2jel からおよび重鎖に対して 1nqb から構築した。非標準 CDR は、非重複の解析された構造を含有する C- α 構造データベースを検索することにより構築した。CDR の 5 以内にある残基を決定した。

【0118】

C. ヒト Ab 選択

マウス EM164 の表面位置を、Kabat データベースにおけるヒト抗体配列の対応する位置と比較した (Johnson, G. および Wu, T. T. (2001) Nucleic Acids Research, 29: 205-206)。抗体データベース管理ソフトウェア SR (Searle 1998) を用いて、天然の重および軽鎖ヒト抗体対からの抗体表面残基を抽出してアラインメントを実施した。CDR の 5 以内にある位置を特に配慮し、最も同一の表面残基をもつヒト抗体表面を選んで、マウス抗 IGF-I 受容体抗体表面残基と置換えた。

【0119】

D. PCR 突然変異誘発

マウス EM164 cDNA クローン (上記) 上で PCR 突然変異誘発を実施して、再表面形成された

40

50

ヒトEM164（本明細書ではhuEM164と呼ぶ）を構築した。プライマーセットは、全ての試験したhuEM164のバージョンに8個のアミノ酸変化が要求されるように設計し、そしてさらなるプライマーは、代わりに2つの5残基変化を作るように設計した（表3）。PCR反応を、次のプログラムを用いて実施した：1)94 1分間、2)94 15秒間、3)55 1分間、4)72 2分間、5)ステップ2)に戻るサイクリング29回、6)72 4分間の最終伸長による完了。PCR産物をその対応する制限酵素によって消化し、それらを上記のようにpBlue scriptクローニングベクター中にクローニングした。クローンを配列決定して所望のアミノ酸変化を確認した。

【表3】

表3 4種のヒト化EM164抗体を構築するために用いたPCRプライマー

プライマー	配列	配列番号
Em164hcvv	CAGGTGTACACTCCCAGGTCCAACTGGTGCAGTCTGG GGCTGAAGTGGTGAAGCCTG	23
Em164hcqqgol1	CAATCAGAAGTTCCAGGGGAAGGCCACAC	24
Em164hcqqgol2	CCTTCCCCTGGAACCTTCTGATTGTAGTTAGTACG	25
Em164lcv3	CAGGTGTACACTCCGATGTTGTGATGACCCAACTCC	26
Em164lcl3	CAGGTGTACACTCCGATGTTTTGTGATGACCCAACTCC	27
Em164lcp18	GACTAGATCTGCAAGAGATGGAGGCTGGATCTCCAAG AC	28
Em164lcbgl2	TTGCAGATCTAGTCAGAGCATAGTACATAGTAATG	29
Em164r45	GAATGGTACCTGCAGAAACCAGGCCAGTCTCCAAGGC TCCTGATCTAC	30
Em164a67ol1	GTGGCAGTGGAGCAGGGACAGATTTTCAC	31
Em164a67ol2	GAAATCTGTCCCTGCTCCACTGCCACTG	32

【0120】

E. 可変域表面残基

Pedersenら（J. Mol. Biol., 235, 959-973, 1994）およびRoguskaら（タンパク質 Eng., 9, 895-904, 1996）が記載した抗体再表面形成技術は、マウス抗体可変配列の表面残基を予想することから始める。表面残基は、その全表面積の少なくとも30%が水分子にアクセス可能であるアミノ酸として定義される。

【0121】

127種の抗体構造ファイルのセット中に10種の最も相同的な抗体を同定した（図17および18）。それぞれのKabat位置に対する溶媒アクセシビリティを、これらのアラインメントした配列に対して平均化し、それぞれの残基に対する相対的アクセシビリティの分布を図19に示した。軽および重鎖は両方とも、少なくとも30%の平均相対アクセシビリティをもつ26残基を有し（図19）：これらの残基はEM164に対して予想された表面残基であった。複数の残基は25%～35%の平均アクセシビリティを有したので、これらを、残基のどちらか1つの側にフランキングする2つの同一残基をもつ抗体だけを平均化することにより、さらに試験した（表4および5）。このさらなる分析の後、以上同定した表面残基の元のセットは変わらないまま残った。

【表 4】

表 4 EM164 抗体の軽および重鎖可変配列に対する、表面残基と平均アクセシビリティ
(ave.acc.)

EM164 表面残基					
軽鎖			重鎖		
EM164	Kabat #	ave.acc.	EM164	Kabat #	ave.acc.
D	1	45.89	Q	1	58.19
L	3	41.53	Q	3	34.08
T	7	31.40	Q	5	34.36
L	9	50.08	A	9	38.01
L	15	35.45	L	11	47.72
Q	18	39.79	K	13	46.51
R	24	34.36	P	14	31.49
S	26	32.63	G	15	31.42
Q	27	34.35	K	19	34.41
N	28	36.38	K	23	31.23
P	40	43.05	T	28	36.24
G	41	46.56	P	41	44.01
Q	42	34.92	G	42	42.62
K	45	30.58	Q	43	46.85
S	52	30.40	E	61	46.68
S	56	41.46	K	62	44.87
G	57	42.41	K	64	38.92
D	60	45.96	R	65	40.06
S	67	38.20	K	73	35.92
R	77	42.61	S	74	48.91
E	81	38.46	S	82B	32.72
V	95E	34.83	S	84	35.21
K	103	31.10	E	85	39.62
K	107	36.94	D	98	36.00
R	108	60.13	A	106	37.65
A	109	53.65	S	113	43.42

10

20

30

【表 5】

表 5

境界線の表面残基					
軽鎖			重鎖		
EM164	Kabat #	Ave. Acc.	EM164	Kabat #	Ave. Acc.
T	5	28.68	Q	3	31.62
T	7	30.24	Q	5	36.07
P	12	26.59	P	14	29.88
G	16	25.20	G	15	30.87
D	17	25.73	S	17	25.64
S	20	25.37	K	19	35.06
R	24	36.73	K	23	31.48
S	26	31.00	G	26	30.53
Q	27	32.29	S	31	27.12
S	27A	29.78	R	56	NA
V	27C	29.05	T	68	27.71
V	29	NA	T	70	24.65
Q	42	34.92	S	75	18.80
K	45	32.24	S	82B	32.87
S	52	30.02	P	97	NA
R	54	29.50	Y	99	NA
D	70	26.03	V	103	NA
R	74	NA	T	111	25.95
E	79	26.64			
A	80	29.61			
V	95E	42.12			
G	100	29.82			
K	103	31.10			
E	105	25.78			

25%～35%の間の平均アクセシビリティ (ave.acc.) を有する残基は、さらに問題の残基のどちらか一つの側にフランキングする2つの同一残基を有する抗体のサブセットを平均化することにより分析した。これらの境界線の表面位置およびそれらの新しい平均アクセシビリティを掲げる。NAは10種の最も類似した抗体に同一のフランキング残基を持たない残基を意味する。

【0122】

F. CDRの5 以内にある残基を決定するための分子モデル

AbMソフトウェアパッケージを用いて作製した上記分子モデルを分析して、どのEM164表面残基がCDRの5 以内にあるかを確認した。マウスEM164抗体を再表面形成するために、CDR外側の全ての表面残基をヒトの対応残基に変えなければならないが、CDRの5 以内の残基は抗原特異性にも寄与しうるので、特別な注意を払って処理した。従って、これらの後者残基を同定してヒト化プロセスの間を通して注意深く配慮しなければならない。再表面形成に用いるCDR定義は重鎖CDR2に対するAbM定義と残る5つのCDRに対するKabat定義を組合わせる(図14)。表6はEM164モデルの軽または重鎖配列両方のいずれかのCDR残基の5 以内にあった残基を示す。

【表 6】

表 6 CDR の 5 Å 以内の EM164 抗体フレームワーク表面残基

CDR の 5 Å 以内の EM164 表面残基

軽鎖	重鎖
D1	T28
L3	K73
T7	S74
P40	
Q42	
K45	
G57	
D60	
E81	

10

【 0 1 2 3 】

20

G. 最も相相同的なヒト表面の同定

EM164を再表面形成するためのヒト抗体表面候補を、Kabat抗体配列データベース内で、規定した残基だけの抗体データベースに対する位置のサーチングを提供するSRソフトウェアを利用して同定した。自然対合を保存するために、軽および重鎖両方の表面残基を一緒に比較した。Kabatデータベースからの最も相相同的なヒト表面を配列同一性の格付け順に整列した。トップ5の表面を表7に与える。ついでこれらの表面を比較して、CDRの5以内で必要となる変更が最小であるのはどれかを同定した。白血病B細胞抗体、CLL 1.69は最少数の表面残基変化（全部で10）を必要とし、そのうち2つだけがCDRの5以内にあった。

【 0 1 2 4 】

30

EM164の全長可変域配列もKabatヒト抗体データベースとアラインメントして、再び、CLL 1.69を最も類似したヒト可変域配列として同定した。総合して、これらの配列比較はヒト白血病B細胞抗体CLL 1.69がEM164に対するヒト表面として好ましい選択であると同定した。

【表 7】

表7 Kabat データベースから抽出したトップ5のヒト配列

5つの最も相同的なヒト抗体表面		
抗体	軽鎖	配列番号
MuEM164	<u>D</u> L <u>T</u> L <u>L</u> Q <u>P</u> G <u>Q</u> K <u>G</u> D <u>S</u> R <u>E</u> K <u>K</u> R <u>A</u>	33
CLL1.69	DVTLLPPGQRGDAREKKR-	34
MSL5	DQSLIPPGQKGDSRDKKRA	35
CDP571	DMSSVRPGQKGSSSDKKR-	36
LC3aPB	EVSGPRPGQRGDSREKKR-	37
SSbPB	EVSGPRPGQRGDSREKKR-	38
抗体	重鎖	配列番号
MuEM164	Q <u>Q</u> Q <u>A</u> LKPGKKTPGQEKKR <u>K</u> <u>S</u> SSEAS	39
CLL1.69	QQVAVKPGKKTPGQQKQGKSSEQS	40
MSL5	QQQPLKPGKKTPGKDDKGTSNNEQS	41
CDP571	QQVAVKPGKKTPGQQKKGKSSEQS	42
LC3aPB	-QVAVKPGKKTPGQQKQGKSSEQS	43
SSbPB	-QVAVKPGKKTPGQQKQGESSEQS	44

アラインメントはSR (Pedersen 1993) により作製した。CDR の5 Å以内にある EM164 表面残基に下線を引いた。

【0 1 2 5】

H. ヒト化EM164遺伝子の構築

EM164 (表 7) の表面残基変化を上記のPCR突然変異誘発技術を利用して作った。CLL 1.69に対する表面残基のうちの8残基はCDRの5 Å以内になかったので、これらの残基はヒト化EM164の全てのバージョンにおいてマウスからヒトに変更した(表 8 および表 9)。CDRの5 Å以内にあった2つの軽鎖表面残基(Kabat位置3および45)はヒトに変更するかまたはマウスに保持した。まとめると、これらのオプションにより、4種のEM164ヒト化バージョンが構築された(図22および23)。

【0 1 2 6】

4種のヒト化バージョンのうち、バージョン1.0は全ての10ヒト表面残基を有する。CDRの近傍の変化を最も保存するバージョンは、CDRの5 Å以内にあるマウス表面の両方を保持したバージョン 1.1である。全ての4種のヒト化EM164抗体遺伝子を抗体発現プラスミド(図16)中にクローニングして、一過性および安定したトランスフェクションに用いた。

【表 8】

表 8 ヒト化 EM164 抗体のバージョン 1.0~1.3 に対する残基変化

全バージョンにおける変化							
軽鎖: muQ18 を huP18 へ; muS67 を huA67 へ							
重鎖: muQ5 を huV5 へ; muL11 を huV11 へ; へ; muK64 を huQ64 へ; muR65 を huG65 へ; muA106 を huQ106 へ							
muE61 を huQ61							
huEM164 変化							
	軽鎖 aa3			軽鎖 aa45			全 5 Å
	マウス	ヒト		マウス	ヒト		マウス残基
v1.0		V			R		0
v1.1	L			K			2
v1.2	L				R		1
v1.3		V		K			1

【 0 1 2 7 】

I. 全長 IGF-I 受容体および末端切断 IGF-I 受容体 α 鎖との結合に対する、ヒト化 EM164 抗体バージョンの親和性とマウス EM164 抗体の親和性との比較

ヒト化 EM164 抗体バージョン 1.0-1.3 の親和性をマウス EM164 抗体の親和性と、上記ビオチン化全長ヒト IGF-I 受容体または myc-エピトープ標識末端切断 IGF-I 受容体 α 鎖を用いる競合アッセイを通して比較した。ヒト化 EM164 抗体サンプルを、ヒト胚性腎 293T 細胞における適当な発現ベクターの一過性トランスフェクションにより得て、抗体濃度を精製ヒト化抗体標準を用いる ELISA により決定した。ELISA 結合競合を測定するために、ヒト化抗体サンプルと様々な濃度のマウス EM164 抗体の混合物を、間接的に捕獲したビオチン化全長 IGF-I 受容体または myc エピトープ標識末端切断 IGF-I 受容体 α 鎖とともにインキュベートした。平衡後に、結合したヒト化抗体をヤギ抗ヒト Fab'₂ 抗体-西洋わさびペルオキシダーゼコンジュゲートを用いて検出した。([結合したマウス Ab]/[結合したヒト化 Ab]) 対 ([マウス Ab]/[ヒト化 Ab]) のプロットは、理論的に (K_d ヒト化 Ab / K_d マウス Ab) の勾配をもつ直線を生じるので、これを用いてヒト化とマウス抗体の相対親和性を決定した。

【 0 1 2 8 】

競合アッセイの例を図 11 に示す。Immulon-2HB ELISA プレートを用いて、1 ウエル当たり 5 μ g/mL ストレプトアビジンを含む炭酸バッファー 100 μ L を用いて常温で 7 時間コーティングした。ストレプトアビジンをコーティングしたウエルをブロッキングバッファー (10mg/mL BSA を含む TBS-T バッファー) 200 μ L を用いて 1 時間ブロックし、TBS-T バッファーを用いて洗浄し、そしてビオチン化 IGF-I 受容体 (1 ウエル当たり 5ng) を用いて一夜 4 にてインキュベートした。次いで間接的に捕獲したビオチン化 IGF-I 受容体を含むウエルを洗浄し、ヒト化 EM164 抗体 (15.5ng) とマウス抗体 (0ng、または 16.35ng、または 32.7ng、または 65.4ng、または 163.5ng) の混合物を含むブロッキングバッファー 100 μ L を用いて 2 時間常温でインキュベートし、次いで一夜 4 にてインキュベートした。次いでウエルを TBS-T バッファーを用いて洗浄し、ヤギ抗ヒト Fab'₂ 抗体-西洋わさびペルオキシダーゼコンジュゲートとともに 1 時間 (100 μ L; 1 μ g/mL を含むブロッキングバッファー) インキュベートし、その後洗浄し、そして ABTS/H₂O₂ 基質を用いて 405nm にて検出した。

【 0 1 2 9 】

([結合したマウスAb]/[結合したヒト化Ab])対([マウスAb]/[ヒト化Ab])のプロットは、0.52の勾配 ($=K_d \text{ヒト化Ab} / K_d \text{マウスAb}$) をもつ直線 ($r^2 = 0.996$) を生じた。従って、ヒト化抗体バージョン1.0はIGF-I受容体と、マウスEM164抗体より強く結合した。勾配に対する約0.5~0.8の類似した値を、ヒト化EM164抗体のバージョン1.0、1.1、1.2および1.3のマウスEM164抗体との全長IGF-I受容体または末端切断IGF-I受容体 α 鎖競合に対して得たので、これは、EM164抗体の全てのヒト化バージョンが親マウスEM164抗体のそれより優れた類似の親和性を有することを示した。重鎖に92F→Cの突然変異をもつEM164抗体のキメラバージョンは、マウスEM164抗体との類似の結合競合において約3の勾配を示し、これはEM164の92F→Cの突然変異はマウスEM164抗体がIGF-I受容体との結合に示したのより3倍低い親和性を有することを示した。ヒト化EM164 v1.0抗体は、マウスEM164抗体が示したのと類似のMCF-7細胞のIGF-I刺激増殖および生存の阻害を示した(図24)。ヒト化EM164 v1.0抗体によるMCF-7細胞の血清刺激増殖および阻害はマウスEM164抗体による阻害と類似した。

10

【表 9】

表 9

セグメント	軽鎖	重鎖
FR1	1~23 (V_L 鎖の0にて臨時の残基、および10にて欠失)	1~30 (0にて臨時の残基)
CDR1	24~34 (可能な挿入に27A、B、C、D、E、Fの番号を付した)	31~35 (可能な挿入に35A、Bの番号を付した)
FR2	35~49	36~49
CDR2	50~56	50~65 (可能な挿入に52A、B、Cの番号を付した)
FR3	57~88	66~94 (可能な挿入に82A、B、Cの番号を付した)
CDR3	89~97 (可能な挿入に95A、B、C、D、E、Fの番号を付した)	95~102 (可能な挿入に100A、B、C、D、E、F、G、H、I、J、Kの番号を付した)
FR4	98~107 (可能な挿入に106Aの番号を付した)	103~113

20

30

Kabat 番号系を、EM164 Ab の色々なバージョンの軽鎖および重鎖可変域ポリペプチドに用いた。アミノ酸残基を、ポリペプチド鎖中の位置に従ってフレームワーク (FR) および相補性決定領域 (CDR) にグループ化した。

Kabat ら, 「免疫学的に重要なタンパク質の配列 (Sequences of Proteins of Immunological Interest)」, 第5版, 1991, NIH 出版番号 (Publication No.) 91-3242 から引用。

40

【 0 1 3 0 】

」. 本明細書に記載のマウスおよびヒト化抗体配列から出発して、改良された抗IGF-I-受容体抗体を提供する方法

抗IGF-I受容体抗体EM164とそのヒト化変異体のアミノ酸および核酸配列を利用して、改良されたかつまた本発明の範囲内にある他の抗体を開発した。そのような改良された特性としては、IGF-I受容体に対する親和性の増加が挙げられる。複数の研究は、1以上のアミノ酸変化を抗体の配列の様々な位置に導入することのその特性、例えば結合および発現

50

レベルに与える効果を、一次抗体配列の知識に基づいて、調査している (Yang, W.P.ら, 1995, J. Mol. Biol., 254, 392-403; Rader, C.ら, 1998, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 95, 8910-8915; Vaughan, T.J.ら, 1998, Nature Biotechnology, 16, 535-539)。

【0131】

これらの研究においては、オリゴヌクレオチド媒介位置指定突然変異誘発、カセット突然変異誘発、誤りがちの (error-prone) PCR、DNAシャッフリング、または大腸菌 (*E. coli*) の変異誘発株などの方法を用いて、CDR1、CDR2、CDR3、またはフレームワーク領域中の軽および重鎖遺伝子の配列を変えることにより、1次抗体の変異体を作製している (Vaughan, T.J.ら, 1998, Nature Biotechnology, 16, 535-539; Adey, N.B.ら, 1996, 第16章, pp.277-291, in 「ペプチドとタンパク質のファージディスプレイ (Phage Display of Peptides and Proteins)」, Kay, B.K.ら編, Academic Press)。1次抗体の配列を変えるこれらの方法は、標準のスクリーニング技術の利用を通して、その2次抗体の親和性の改良をもたらしている (Gram, H.ら, 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89, 3576-3580; Boder, E.T.ら, 2000, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 97, 10701-10705; Davies, J.およびRiechmann, L., 1996, Immunotechnology, 2, 169-179; Thompson, J.ら, 1996, J. Mol. Biol., 256, 77-88; Short, M.K.ら, 2002, J. Biol. Chem., 277, 16365-16370; Furukawa, K.ら, 2001, J. Biol. Chem., 276, 27622-27628)。

10

【0132】

抗体の1以上のアミノ酸残基を変える類似の定方向手法 (directed strategy) により、本発明に記載の抗体配列を用いて、改良された機能をもつ抗IGF-I受容体抗体、例えば治療薬の結合に利用する共有結合改変のための好都合な結合点に遊離アミノ基またはチオールなどの好適な基を有する抗体を開発することができる。

20

【0133】

K. マウス、キメラおよび他の抗IGF-I受容体抗体のための代わりの発現系

マウス抗IGF-I受容体抗体を、ヒト化抗体を発現するために利用したプラスミド (上記) と類似の哺乳類動物発現プラスミドからも発現した。軽鎖 κ および重鎖 γ -1配列を含むマウス定常域を有する発現プラスミドは公知である (McLeanら, 2000, Mol Immunol., 37, 837-845)。これらのプラスミドを、いずれかの抗体可変域、例えばマウス抗IGF-I受容体抗体を単純な制限酵素消化とクローニングにより受容するように設計した。発現プラスミド中にこれらと適合しうる制限酵素切断部位を創出するために、抗IGF-1受容体抗体のさらなるPCRが通常必要であった。

30

【0134】

全マウス抗IGF-I受容体抗体を発現する代わりの手法は、キメラ抗IGF-I受容体抗体発現プラスミド中のヒト定常域を置換えることであった。キメラ発現プラスミド (図16) を可変域のためのおよび軽および重鎖定常域の両方のためのカセットを用いて構築した。抗体可変配列を制限酵素消化によりこの発現プラスミド中にクローニングしたように、別々の制限酵素消化を用いていずれかの定常域にクローニングした。抗IGF-1抗体可変域のクローニングについて本明細書に記載したRNAのように、 κ 軽鎖および γ -1重鎖cDNAを、例えばマウスハイブリドーマRNAからクローニングした。同様に、好適なプライマーをKabatデータベース中の利用しうる配列から設計した (表10を参照)。例えば、RT-PCRを用いて定常域配列をクローニングしそしてこれらの断片をキメラ抗IGF-I受容体抗体発現プラスミド中にクローニングするために必要な制限酵素切断部位を創出した。このプラスミドを用いて次に標準哺乳類動物発現系、例えばCHO細胞系統において全マウス抗IGF-I受容体抗体を発現した。

40

【表 10】

表 10 マウス γ -1 定常域およびマウス κ 定常域をそれぞれクローニングするために設計したプライマー。

マウス定常域プライマー		
プライマー名	プライマー配列	配列番号
MuIgG1 C3endX	TTTTGAGCTCTTATTTACCAGGAGAGTGGGAGAGGC TCTT	45
MuIgG1 C5endH	TTTAAAGCTTGCCAAAACGACACCCCCATCTGTCTAT	46
MuIgKap C3endB	TTTTGGATCCTAACACTCATTCCTGTTGAAGC	47
MuIgKap C5endE	TTTTGAATTCGGGCTGATGCTGCACCAACTG	48

10

プライマーは Kabat データベース中の利用しうる配列から設計した (Johnson, G および Wu, T.T. (2001) Nucleic Acids Research, 29: 205-206)。

20

【0135】

寄託の表明

マウス EM164 抗体を作るハイブリドーマは ATCC (American Type Culture Collection, P O Box 1549, Manassas, VA 20108) に、2002 年 6 月 14 日 ブダペスト条約の条項のもとで、受託番号 PTA-4457 として寄託した。

【0136】

ある特定の特許および印刷出版物が本発明の開示に参照されていて、それらの教示は本明細書にそれらのそれぞれの全てが参照によりそれぞれ組込まれる。

【0137】

本発明は詳細にかつその特定の実施形態を参照して記載されているが、当業者であれば、本発明の精神と範囲から逸脱することなくそれに様々な変化と改変をなしうることは明らかであろう。

30

【図面の簡単な説明】

【0138】

【図 1】精製 EM164 抗体の、ヒト Y1251F-IGF-I 受容体またはヒトインスリン受容体を過剰発現する細胞との特異的結合の蛍光活性化細胞選別 (フローサイトメトリー) (FACS) 分析を示す。

【図 2】EM164 抗体のビオチン化ヒト IGF-I 受容体との結合に対する結合滴定曲線を示す。

【図 3】EM164 抗体による、ビオチン化 IGF-I のヒト乳癌 MCF-7 細胞との結合の阻害を示す

40

【図 4】EM164 抗体による、MCF-7 細胞における IGF-I 受容体の IGF-I 刺激自己リン酸化の阻害を示す。

【図 5】EM164 抗体による、MCF-7 細胞における IGF-I 刺激 IRS-1 リン酸化の阻害を示す。

【図 6】EM164 抗体による、SaOS-2 細胞における IGF-I 刺激シグナル伝達の阻害を示す。

【図 7】MTT アッセイにより評価した、様々な増殖条件下での MCF-7 細胞の増殖および生存に与える EM164 抗体の効果を示す。

【図 8】様々な血清濃度のもとでの、MCF-7 細胞の増殖と生存に与える EM164 抗体の効果を示す。

【図 9】EM164 抗体による、IGF-I および血清に刺激された NCI-H838 細胞の増殖と生存の阻

50

害を示す。

【図10】EM164抗体、タキソール、またはEM164抗体とタキソールの併用による処理が、マウスにおけるCalu-6肺癌異種移植片の増殖に与える効果を示す。

【図11】ヒト化EM164抗体(v.1.0)およびマウスEM164抗体の結合の間の競合を示す。

【図12】マウス抗IGF-I受容体抗体EM164の軽鎖リーダーおよび可変域の、cDNA(配列番号49)およびアミノ酸配列(配列番号50)を示す。矢印はフレームワークの出発点を示す。Kabatによる3種のCDR配列に下線を引いた。

【図13】マウス抗IGF-I受容体抗体EM164の重鎖リーダーおよび可変域の、cDNA(配列番号51)およびアミノ酸配列(配列番号52)を示す。矢印はフレームワークの出発点を示す。Kabatによる3種のCDR配列に下線を引いた。

10

【図14】Chothia正準クラス定義(Chothia canonical class definitions)から確認した抗体EM164の軽および重鎖CDRアミノ酸配列を示す。重鎖CDRに対するAbMモデルソフトウェア定義(AbM modeling software definitions)も示す。軽鎖のCDR1は配列番号4、CDR2は配列番号5、そしてCDR3は配列番号6である。重鎖のCDR1は配列番号1、CDR2は配列番号2、そしてCDR3は配列番号3である。AbM重鎖のCDR1は配列番号53、CDR2は配列番号54、そしてCDR3は配列番号55である。

【図15】抗IGF-I-受容体抗体EM164の軽鎖および重鎖アミノ酸配列とCr1(配列番号56)およびJ558.c(配列番号57)遺伝子の生殖系列配列とのアラインメントを示す。ダッシュ(-)は配列同一性を示す。

【図16】組換えキメラおよびヒト化EM164抗体を構築しかつ発現するために利用したプラスミドを示す。A)軽鎖クローニングプラスミド、B)重鎖クローニングプラスミド、C)哺乳類動物抗体発現プラスミド。

20

【図17】EM164の表面残基を予測するために用いた構造ファイルのセット中の抗体127種からスクリーニングした軽鎖のうちの最も相同的な10種のアミノ酸配列を示す。em164 LC(配列番号58)、2jel(配列番号59)、2pcp(配列番号60)、1nqb(配列番号61)、1kel(配列番号62)、1hyx(配列番号63)、1igf(配列番号64)、1tet(配列番号65)、1clz(配列番号66)、1bln(配列番号67)、1cly(配列番号68)、コンセンサス(配列番号69)。

【図18】EM164の表面残基を予測するために用いた構造ファイルのセット中の抗体127種からスクリーニングした重鎖のうちの最も相同的な10種のアミノ酸配列を示す。em164 HC(配列番号70)、1nqb(配列番号71)、1ngp(配列番号72)、1fbi(配列番号73)、1afv(配列番号74)、1yuh(配列番号75)、1plg(配列番号76)、1d5b(配列番号77)、1ae6(配列番号78)、1axs(配列番号79)、3hfl(配列番号80)、コンセンサス(配列番号81)。

30

【図19】10種の最も相同的な構造からの(A)軽鎖および(B)重鎖可変域残基のそれぞれに対する平均アクセシビリティを示す。数字はKabat抗体配列位置番号を表す。

【図20】マウスEM164(muEM164)およびヒト化EM164(huEM164)抗体に対する軽鎖可変域アミノ酸配列を示す。muEM164(配列番号82)、huEM164 V1.0(配列番号83)、huEM164 V1.1(配列番号84)、huEM164 V1.2(配列番号85)、huEM164 V1.3(配列番号86)。

【図21】マウス(muEM164、配列番号87)およびヒト化EM164抗体(huEM164、配列番号88)に対する重鎖可変域アミノ酸配列を示す。

40

【図22】huEM164 v1.0の可変域DNAおよびアミノ酸配列を、軽鎖(DNA配列番号89、アミノ酸配列番号90)と重鎖(DNA配列番号91、アミノ酸配列番号92)の両方に対して示す。

【図23A】ヒト化EM164 v1.1(DNA配列番号93;アミノ酸配列番号94)、v1.2(DNA配列番号95;アミノ酸配列番号96)およびv1.3(DNA配列番号97;アミノ酸配列番号98)の軽鎖可変域DNAおよびアミノ酸配列を示す。

【図23B】ヒト化EM164 v1.1(DNA配列番号93;アミノ酸配列番号94)、v1.2(DNA配列番号95;アミノ酸配列番号96)およびv1.3(DNA配列番号97;アミノ酸配列番号98)の軽鎖可変域DNAおよびアミノ酸配列を示す(図23Aの続き)。

【図24】ヒト化EM164 v1.0抗体およびマウスEM164抗体による、MCF-7細胞のIGF-I刺激

50

増殖および生存の阻害を示す。

【図 2 5】EM164がMCF-7細胞のIGF-I-刺激サイクリングを抑制することを示す。

【図 2 6】EM164がIGF-Iおよび血清の抗アポトーシス効果を抑制することを示す。EM164を用いる処理はアポトーシス細胞死をもたらし、それが切断されたCK18タンパク質のレベル増加により実証される。

【図 2 7】免疫不全マウスにおけるヒトBxPC-3膵癌異種移植片の増殖に対する、EM164抗体、ゲミシタビン、またはEM164抗体とゲミシタビンの併用による処理の効果を示す。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> ImmunoGen, Inc.

10

<120> ANTI-IGF-I RECEPTOR ANTIBODY

<130> A8338

<140> 10/170,390

<141> 2002-06-14

<160> 96

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

20

<220>

<223> antibody heavy chain complementarity determining region

<400> 1

Ser Tyr Trp Met His
1 5

<210> 2

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> antibody heavy chain complementarity determining region

30

<400> 2

Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15

Arg

<210> 3

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> antibody heavy chain complementarity determining region

40

<400> 3

Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp Val
 1 5 10 15

<210> 4

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> antibody light chain complementarity determining region

<400> 4

Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu
 1 5 10 15

10

<210> 5

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> antibody light chain complementarity determining region

<400> 5

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser
 1 5

20

<210> 6

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> antibody light chain complementarity determining region

<400> 6

Phe Gln Gly Ser His Val Pro Pro Thr
 1 5

<210> 7

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> antibody heavy chain

30

<400> 7

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

10

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

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
 85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
 100 105 110

Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

20

<210> 8

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> antibody light chain

<400> 8

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60

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

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

10

Arg

<210> 9
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> humanized light chain variable region

<400> 9

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

20

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
 65 70 75 80

30

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

<210> 10
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> humanized light chain variable region

10

<400> 10

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

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60

20

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
 65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

30

<210> 11
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>

<223> humanized light chain variable region

<400> 11

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

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

10

Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
 65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

20

Arg

<210> 12

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> humanized light chain variable region

<400> 12

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

30

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 13
<211> 124
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> humanized heavy chain variable region

<400> 13

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

10

20

30

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
 85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
 100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 14
 <211> 46
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

10

<220>
 <223> degenerate 3' light chain PCR primer - HindKL

<400> 14
 tataagagctc aagcttggat ggtggaaga tggatacagt tgggtgc

46

<210> 15
 <211> 36
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> degenerate 3' heavy chain PCR primer- Bgl2IgG1

<400> 15
 ggaagatcta tagacagatg ggggtgtcgt ttgtgc

36

20

<210> 16
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> poly C 5' PCR primer - EcoPolyC

<400> 16
 tatatctaga attccccccc ccccccccc

30

<210> 17
 <211> 32
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

30

<220>
 <223> degenerate 5' light chain PCR primer - Sac1MK

<400> 17
gggagctcga yattgtgmts acmcarwctm ca

32

<210> 18
<211> 32
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> degenerate 5' heavy chain PCR primer - EcoR1MH1

<220>
<221> misc_feature
<222> (18)..(18)
<223> "n" may be any nucleic acid

10

<400> 18
cttccggaat tcsargtnma gctgsagsag tc

32

<210> 19
<211> 35
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> degenerate 5' heavy chain PCR primer - EcoR1MH2

<220>
<221> misc_feature
<222> (18)..(18)
<223> "n" may be any nucleotide

20

<400> 19
cttccggaat tcsargtnma gctgsagsag tcwgg

35

<210> 20
<211> 10
<212> PRT
<213> Mus musculus

<400> 20

Asp Val Leu Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
1 5 10

30

<210> 21
<211> 10
<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 21

Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys
1 5 10

<210> 22

<211> 24

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 22

Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp
1 5 10 15

10

Ser Ala Val Tyr Tyr Phe Ala Arg
20

<210> 23

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 23

cagggtgtaca ctcccagggtc caactgggtgc agtctggggc tgaagtgggtg aagcctg

57

20

<210> 24

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 24

caatcagaag ttccagggga aggccacac

29

<210> 25

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

30

<400> 25
ccttccctg gaacttctga ttgtagttag tacg

34

<210> 26
<211> 37
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> PCR primer

<400> 26
caggtgtaca ctccgatggt gtgatgaccc aaactcc

37

10

<210> 27
<211> 37
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> PCR primer

<400> 27
caggtgtaca ctccgatggt ttgatgaccc aaactcc

37

<210> 28
<211> 39
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

20

<220>
<223> PCR primer

<400> 28
gactagatct gcaagagatg gaggctggat ctccaagac

39

<210> 29
<211> 35
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> PCR primer

<400> 29
ttgcagatct agtcagagca tagtacatag taatg

35

30

<210> 30
<211> 48
<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 30

gaatgggtacc tgcagaaacc aggccagtct ccaaggctcc tgatctac

48

<210> 31

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

10

<400> 31

gtggcagtgg agcagggaca gatttcac

28

<210> 32

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 32

gaaatctgtc cctgctccac tgccactg

28

20

<210> 33

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

Asp Leu Thr Leu Leu Gln Pro Gly Gln Lys Gly Asp Ser Arg Glu Lys
1 5 10 15

Lys Arg Ala

<210> 34

<211> 18

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 34

30

Asp Val Thr Leu Leu Pro Pro Gly Gln Arg Gly Asp Ala Arg Glu Lys
1 5 10 15

Lys Arg

<210> 35
<211> 19
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 35

Asp Gln Ser Leu Ile Pro Pro Gly Gln Lys Gly Asp Ser Arg Asp Lys
1 5 10 15

10

Lys Arg Ala

<210> 36
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 36

Asp Met Ser Ser Val Arg Pro Gly Gln Lys Gly Ser Ser Ser Asp Lys
1 5 10 15

20

Lys Arg

<210> 37
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 37

Glu Val Ser Gly Pro Arg Pro Gly Gln Arg Gly Asp Ser Arg Glu Lys
1 5 10 15

30

Lys Arg

<210> 38
<211> 18

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 38

Glu Val Ser Gly Pro Arg Pro Gly Gln Arg Gly Asp Ser Arg Glu Lys
1 5 10 15

Lys Arg

<210> 39
<211> 25
<212> PRT
<213> Homo sapiens

10

<400> 39

Gln Gln Gln Ala Leu Lys Pro Gly Lys Lys Thr Pro Gly Gln Glu Lys
1 5 10 15

Lys Arg Lys Ser Ser Ser Glu Ala Ser
20 25

<210> 40
<211> 25
<212> PRT
<213> Homo sapiens

20

<400> 40

Gln Gln Val Ala Val Lys Pro Gly Lys Lys Thr Pro Gly Gln Gln Lys
1 5 10 15

Gln Gly Lys Ser Ser Ser Glu Gln Ser
20 25

<210> 41
<211> 25
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 41

30

Gln Gln Gln Pro Leu Lys Pro Gly Lys Lys Thr Pro Gly Lys Asp Asp
1 5 10 15

Lys Gly Thr Ser Asn Asn Glu Gln Ser

20

25

<210> 42
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 42

Gln Gln Val Ala Val Lys Pro Gly Lys Lys Thr Pro Gly Gln Gln Lys
 1 5 10 15

Lys Gly Lys Ser Ser Ser Glu Gln Ser
 20 25

10

<210> 43
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 43

Gln Val Ala Val Lys Pro Gly Lys Lys Thr Pro Gly Gln Gln Lys Gln
 1 5 10 15

Gly Lys Ser Ser Ser Glu Gln Ser
 20

20

<210> 44
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 44

Gln Val Ala Val Lys Pro Gly Lys Lys Thr Pro Gly Gln Gln Lys Gln
 1 5 10 15

Gly Glu Ser Ser Ser Glu Gln Ser
 20

<210> 45
 <211> 40
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

30

<220>
 <223> PCR primer

<400> 45
 ttttgagctc ttatttacca ggagagtggg agaggctctt

40

<210> 46
 <211> 37
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> PCR primer

<400> 46
 ttttaagctt gccaaaacga ccccccatc tgtctat

37

10

<210> 47
 <211> 32
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> PCR primer

<400> 47
 ttttggatcc taacactcat tctgttgaa gc

32

<210> 48
 <211> 31
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

20

<220>
 <223> PCR primer

<400> 48
 ttttgaattc gggctgatgc tgcaccaact g

31

<210> 49
 <211> 396
 <212> DNA
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(396)
 <223>

30

<400> 49
 atg aag ttg cct gtt agg ctg ttg gtg ctg atg ttc tgg att cct gct
 Met Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Met Phe Trp Ile Pro Ala

48

1	5	10	15		
tcc agt agt gat gtt ttg atg acc caa act cca ctc tcc ctg cct gtc				96	
Ser Ser Ser Asp Val Leu Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val					
20		25	30		
agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tct agt cag agc att				144	
Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile					
35		40	45		
gta cat agt aat gta aac acc tat tta gaa tgg tac ctg cag aaa cca				192	
Val His Ser Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro					
50		55	60		
ggc cag tct cca aag ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct				240	
Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser					10
65		70	75	80	
ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca ggg aca gat ttc aca				288	
Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr					
85		90	95		
ctc agg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga att tat tac tgc				336	
Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys					
100		105	110		
ttt caa ggt tca cat gtt cct ccg acg ttc ggt gga ggc acc aag ctg				384	
Phe Gln Gly Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu					
115		120	125		
gaa atc aaa cgg				396	
Glu Ile Lys Arg					20
130					
<210> 50					
<211> 132					
<212> PRT					
<213> Mus musculus					
<400> 50					
Met Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Met Phe Trp Ile Pro Ala					
1	5	10	15		
Ser Ser Ser Asp Val Leu Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val					
20		25	30		
Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile					
35		40	45		
Val His Ser Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro					

10

20

30

50 55 60
 Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser
 65 70 75 80
 Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
 85 90 95
 Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys
 100 105 110
 Phe Gln Gly Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
 115 120 125
 Glu Ile Lys Arg
 130
 <210> 51
 <211> 429
 <212> DNA
 <213> Mus musculus
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(429)
 <223>
 <400> 51
 atg gga tgg agc tat atc atc ctc ttt ttg gta gca aca gct aca gaa 48
 Met Gly Trp Ser Tyr Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Glu
 1 5 10 15
 gtc cac tcc cag gtc caa ctg cag cag tct ggg gct gaa ctg gtg aag 96
 Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys
 20 25 30
 cct ggg gct tca gtg aag ctg tcc tgt aag gct tct ggc tac acc ttc 144
 Pro Gly Ala Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe
 35 40 45
 acc agc tac tgg atg cac tgg gtg aag cag agg cct gga caa ggc ctt 192
 Thr Ser Tyr Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu
 50 55 60
 gag tgg att gga gag att aat cct agc aac ggt cgt act aac tac aat 240
 Glu Trp Ile Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn
 65 70 75 80

10

20

30

10

<400> 52

20

30

Tyr Tyr Phe Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp
115 120 125

Tyr Phe Asp Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 130 135 140

<210> 53
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<400> 53

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Trp Met His
 1 5 10

10

<210> 54
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<400> 54

Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn
 1 5 10

<210> 55
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

20

<400> 55

Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp Val
 1 5 10 15

<210> 56
 <211> 100
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<400> 56

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro
 100

10

<210> 57
 <211> 98
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<400> 57

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

20

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Ser Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Pro Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg

30

<210> 58
 <211> 113

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<400> 58

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60

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

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

<210> 59
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<400> 59

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

10

20

30

20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ile Ser Ser Arg Phe 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 Gln Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95
 Ser His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110
 Arg
 <210> 60
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> synthetic antibody structure
 <400> 60
 Asp Val Leu Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Thr Ile Val His Ser
 20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Thr Asn Arg Phe 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

10

20

30

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Thr His Ala Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 61
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> synthetic antibody structure

<400> 61

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

10

20

30

<210> 62
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<400> 62

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Phe Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Ser Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

<210> 63
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<400> 63

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
 1 5 10 15

10

20

30

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Thr Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Gly Asp Thr Tyr Leu Asp Trp Phe Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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

10

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 64
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

20

<220>
<223> synthetic antibody structure

<400> 64

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Asn Gln Thr Ile Leu Leu Ser
20 25 30

Asp Gly Asp Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

30

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

10

<210> 65
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> synthetic antibody structure

<400> 65

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

20

Ser Gly Asn Thr Tyr Phe Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

30

Ser His Ile Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 66
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> synthetic antibody structure

 <400> 66

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

10

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ile Ile Val His Asn
 20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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

20

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

<210> 67
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> synthetic antibody structure

 <400> 67

30

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Thr Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ile Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60

10

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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Ala
 85 90 95

Ser His Ala Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

20

<210> 68

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic antibody structure

<400> 68

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ile Ile Val His Asn
 20 25 30

30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe 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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 69
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> synthetic antibody structure

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (28)..(28)
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (101)..(101)
<223> "X" may be any amino acid

<400> 69

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

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Xaa Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

10

20

30

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 Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Xaa Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

<210> 70
<211> 124
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> synthetic antibody structure

<400> 70

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

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

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
 85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
 100 105 110

10

20

30

Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 71
 <211> 120
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<400> 71

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Asn Ser Gly Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Ser Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Pro Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Ala Arg Tyr Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 72
 <211> 120
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

10

20

30

<400> 72

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Asn Ser Gly Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

10

Lys Ser Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Pro Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Ala Arg Tyr Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110

Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
 115 120

20

<210> 73

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic antibody structure

<400> 73

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30

30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Gly Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Glu Ile Asp Pro Ser Asp Ser Tyr Pro Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Ala Ser Leu Tyr Tyr Tyr Gly Thr Ser Tyr Gly Val Leu Asp Tyr Trp
 100 105 110

10

Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 74

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic antibody structure

<400> 74

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ser Val Leu Val Arg Pro Gly Ala
 1 5 10 15

20

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Ser
 20 25 30

Trp Ile His Trp Ala Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Glu Ile His Pro Asn Ser Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

30

Val Asp Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg Trp Arg Tyr Gly Ser Pro Tyr Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110

Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 75
 <211> 118
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

10

<400> 75

Gln Val Gln Phe Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30

Leu Met His Trp Ile Lys Gln Arg Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Asn Asn Val Val Thr Lys Phe Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

20

Lys Ser Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Pro Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg Tyr Ala Tyr Cys Arg Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 100 105 110

Thr Val Thr Val Ser Ser
 115

30

<210> 76
 <211> 117
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic antibody structure

<400> 76

Gln Ile Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
 20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Pro Gly Ser Gly Asn Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95

Ala Arg Gly Gly Lys Phe Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser
 100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
 115

<210> 77

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic antibody structure

<400> 77

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Met Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Ser Phe
 20 25 30

10

20

30

Trp Ile Glu Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Glu Ile Leu Pro Gly Ser Gly Gly Thr His Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Phe Thr Ala Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly His Ser Tyr Tyr Phe Tyr Asp Gly Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 78
 <211> 120
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<400> 78

Gln Ile Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
 20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Met Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Trp Ile Asp Pro Gly Ser Gly Asn Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

10

20

30

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95

Ala Arg Glu Lys Thr Thr Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ala
 115 120

<210> 79

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic antibody structure

<400> 79

Gln Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Ala Glu Leu Met Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Ser Phe
 20 25 30

Trp Ile Glu Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Glu Ile Leu Pro Gly Ser Gly Gly Thr His Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Phe Thr Ala Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly His Ser Tyr Tyr Phe Tyr Asp Gly Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 80

10

20

30

<211> 115
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<400> 80

Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Met Lys Pro Gly Ala Ser
 1 5 10 15

Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asp Tyr Trp
 20 25 30

Ile Glu Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp Ile Gly
 35 40 45

Glu Ile Leu Pro Gly Ser Gly Ser Thr Asn Tyr His Glu Arg Phe Lys
 50 55 60

Gly Lys Ala Thr Phe Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met
 65 70 75 80

Gln Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Gly Val Tyr Tyr Cys Leu
 85 90 95

His Gly Asn Tyr Asp Phe Asp Gly Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr
 100 105 110

Val Ser Ser
 115

<210> 81
 <211> 121
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> synthetic antibody structure

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (20)..(20)
 <223> "X" may be any amino acid

10

20

30

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {34}..(34)
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {43}..(43)
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {50}..(50)
<223> "X" may be any amino acid

10

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {52}..(52)
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {54}..(54)
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {57}..(57)
<223> "X" may be any amino acid

20

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {59}..(59)
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {99}..(99)
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {100}..(100)
<223> "X" may be any amino acid

30

<220>

<221> MISC_FEATURE
<222> {103}..{108}
<223> "X" may be any amino acid

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> {116}..{116}
<223> "X" may be any amino acid

<400> 81

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Xaa Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Xaa His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Xaa Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Xaa Ile Xaa Pro Xaa Ser Gly Xaa Thr Xaa Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Xaa Xaa Tyr Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Xaa Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 82
<211> 113
<212> PRT
<213> Mus musculus

<400> 82

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

10

20

30

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

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

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 83
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> humanized EM164 antibody

<400> 83

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

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

10

20

30

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 84
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> humanized EM164 antibody

<400> 84

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

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

10

20

30

<210> 85
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> humanized EM164 antibody

<400> 85

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

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 86
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> humanized EM164 antibody

<400> 86

10

20

30

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

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

Arg

<210> 87
<211> 123
<212> PRT
<213> Mus musculus

<400> 87

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

10

20

30

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

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
100 105 110

Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120

<210> 88
<211> 123
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> humanized EM164 antibody

<400> 88

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser

10

20

30

115

120

<210> 89
 <211> 339
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> variable region of humanized EM164 antibody - light chain

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(339)
 <223>

10

<400> 89
 gat gtt gtg atg acc caa act cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga 48
 Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 gat cca gcc tcc atc tct tgc aga tct agt cag agc ata gta cat agt 96
 Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30
 aat gta aac acc tat tta gaa tgg tac ctg cag aaa cca ggc cag tct 144
 Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 cca agg ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca 192
 Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 gac agg ttc agt ggc agt gga gca ggg aca gat ttc aca ctc agg atc 240
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
 65 70 75 80
 agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga att tat tac tgc ttt caa ggt 288
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95
 tca cat gtt cct ccg acg ttc ggt gga ggc acc aaa ctg gaa atc aaa 336
 Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110
 cgt 339
 Arg

20

30

<210> 90
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> variable region of humanized EM164 antibody - light chain

<400> 90

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

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
 65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg

<210> 91
 <211> 369
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> variable region of humanized EM164 antibody - heavy chain

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(369)
 <223>

<400> 91
 cag gtc caa ctg gtg cag tct ggg gct gaa gtg gtg aag cct ggg gct
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

48

10

20

30

```

1           5           10           15
tca gtg aag ctg tcc tgt aag gct tct ggc tac acc ttc acc agc tac      96
Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
                20                25                30

tgg atg cac tgg gtg aag cag agg cct gga caa ggc ctt gag tgg att      144
Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
                35                40                45

gga gag att aat cct agc aac ggt cgt act aac tac aat cag aag ttc      192
Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
                50                55                60

cag ggg aag gcc aca ctg act gta gac aaa tcc tcc agc aca gcc tac      240
Gln Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
                65                70                75                80

atg caa ctc agc agc ctg aca tct gag gac tct gcg gtc tat tac ttt      288
Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
                85                90                95

gca aga gga aga cca gat tac tac ggt agt agc aag tgg tac ttc gat      336
Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
                100                105                110

gtc tgg ggc caa ggg acc acg gtc acc gtc tcc      369
Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
                115                120

```

10

20

```

<210> 92
<211> 123
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

```

```

<220>
<223> variable region of humanized EM164 antibody - heavy chain
<400> 92

```

```

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1           5           10           15

```

```

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
                20                25                30

```

30

```

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
                35                40                45

```

```

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
                50                55                60

```

Gln Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120

<210> 93
<211> 339
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> light chain variable region of humanized EM164 v1.1 antibody

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(339)
<223>

<400> 93
gat gtt ttg atg acc caa act cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga 48
Asp Val Leu Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
gat cca gcc tcc atc tct tgc aga tct agt cag agc ata gta cat agt 96
Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30
aat gta aac acc tat tta gaa tgg tac ctg cag aaa cca ggc cag tct 144
Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45
cca aag ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca 192
Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60
gac agg ttc agt ggc agt gga gca ggg aca gat ttc aca ctc agg atc 240
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80
agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga att tat tac tgc ttt caa ggt 288
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

10

20

30

```

      85              90              95
tca cat gtt cct ccg acg ttc ggt gga ggc acc aaa ctg gaa atc aaa      336
Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
      100              105              110

cgt
Arg
      339

```

```

<210> 94
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

```

10

```

<220>
<223> light chain variable region of humanized EM164 v1.1 antibody
<400> 94

```

```

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

```

```

Asp Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20              25              30

```

```

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35              40              45

```

20

```

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50              55              60

```

```

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65              70              75              80

```

```

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85              90              95

```

```

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100              105              110

```

30

Arg

```

<210> 95
<211> 339

```

<212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> light chain variable region of humanized EM164 v1.2 antibody

<400> 95
 gatgttttga tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tccagcctcc 60
 atctcttgca gatctagtca gagcatagta catagtaatg taaacaccta tttagaatgg 120
 tacctgcaga aaccaggcca gtctccaagg ctctgatct acaaagtttc caaccgattt 180
 tctggggtcc cagacagggt cagtggcagt ggagcaggga cagatttcac actcaggatc 240
 agcagagtgg aggctgagga tctgggaatt tattactgct ttcaagggtc acatgttcct 300
 ccgacgttcg gtggaggcac caaactggaa atcaaacgt 339

10

<210> 96
 <211> 339
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

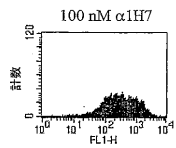
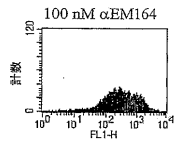
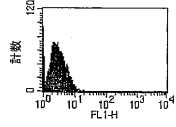
<220>
 <223> light chain variable region of humanized EM164 v1.3 antibody

<400> 96
 gatgttttga tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tccagcctcc 60
 atctcttgca gatctagtca gagcatagta catagtaatg taaacaccta tttagaatgg 120
 tacctgcaga aaccaggcca gtctccaaag ctctgatct acaaagtttc caaccgattt 180
 tctggggtcc cagacagggt cagtggcagt ggagcaggga cagatttcac actcaggatc 240
 agcagagtgg aggctgagga tctgggaatt tattactgct ttcaagggtc acatgttcct 300
 ccgacgttcg gtggaggcac caaactggaa atcaaacgt 339

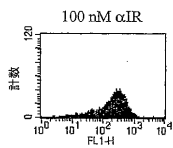
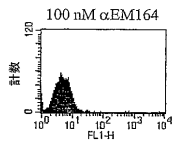
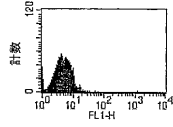
20

【図 1】

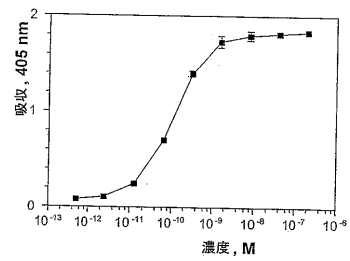
Y1251F IGF-I 受容体細胞

ヤギ α マウス-IgG-FTTC 単独

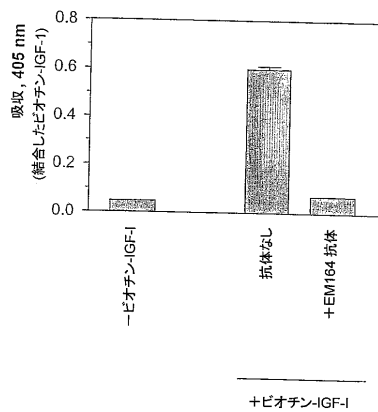
インスリン受容体細胞

ヤギ α マウス-IgG-FTTC 単独

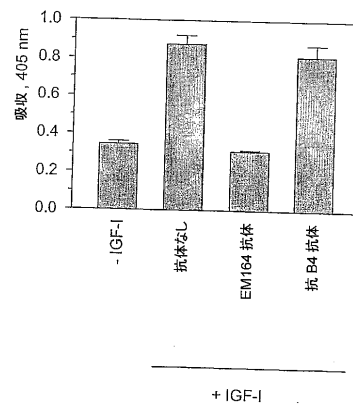
【図 2】

EM164 抗体のビオチン化
IGF-I 受容体との結合の滴定曲線

【図 3】

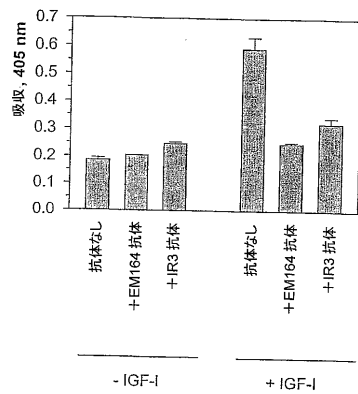
EM164 抗体による、ビオチン-IGF-1 の
MCF-7 細胞との結合の阻害

【図 4】

EM164 抗体による、MCF-7 細胞中の IGF-I 受容体の
IGF-I 刺激自己リン酸化の阻害

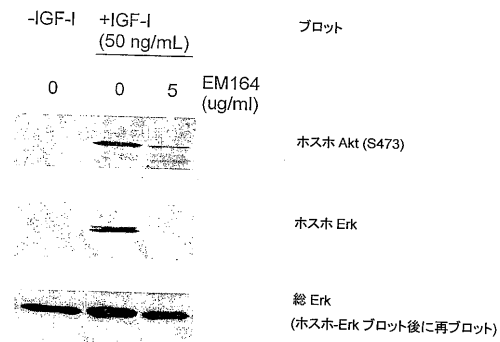
【 図 5 】

EM164 抗体による、
MCF-7 細胞中の IGF-I 刺激 IRS-1 リン酸化の阻害



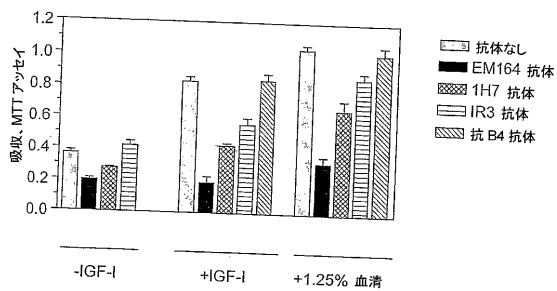
【 図 6 】

EM164 抗体による、
SaOS-2 細胞中の IGF-1 刺激シグナル伝達の阻害



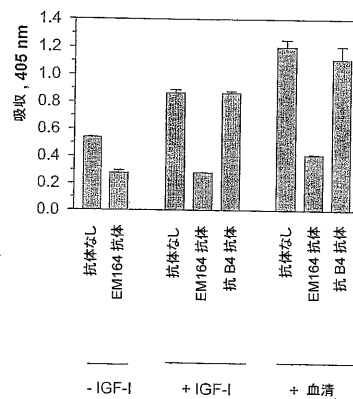
【 図 7 】

無血清、+IGF-1、または+1.25%血清条件における
MCF-7 細胞の増殖および生存に対する抗体の効果



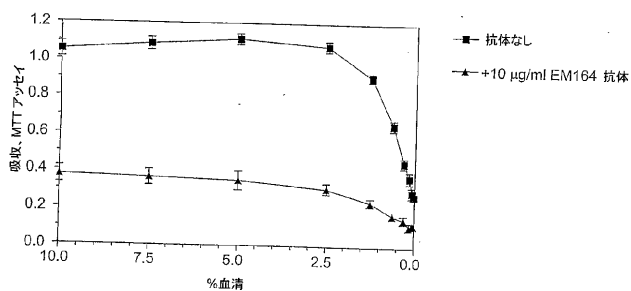
【 図 9 】

NCI-H838 細胞の IGF-I および
血清刺激増殖と生存の阻害



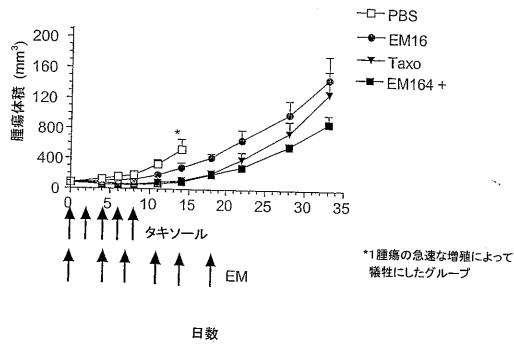
【 図 8 】

0.04~10%血清における
MCF-7 細胞の増殖および生存に対する EM164 抗体の効果



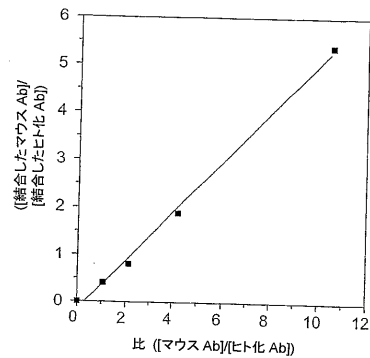
【図 10】

EM164 抗体、またはタキソール、
または EM164 抗体とタキソールの組み合わせを用いる処理の、
マウス中の Calu-6 肺癌異種移植片の増殖に対する効果



【図 11】

マウス EM164 (1.06 ~ 10.6 倍モル濃度範囲) による、
ヒト化 EM164 抗体 (バージョン 1.0) の固定した
ビオチン化 IGF-I 受容体との結合の競合



【図 12】

→
マウス EM164 軽鎖

```

1 atgaagttgcctgttagcgtgttggtgctgatgttctggattcct
1 M K L P V R L L V L M F W I P

46 gcttccagtagtgatgtttgatgacccaaactccaactctccctg
16 A S S S D V L M T Q T P L S L
   ↓VK

91 cctgtcagtcctggagatcaagcctccatctcttgcagatctagt
31 P V S L G D Q A S I S C R S S
   CDR1

136 cagagcattgtacatagtaagttaaacacctatttagaatggtac
46 Q S I V H S N V N T Y L E W Y
   CDR1

181 ctgcagaaaccagccagctctccaaagctcctgatctacaaagtt
61 L Q K P G Q S P K L L I Y K V
   CDR2

226 tccaaccgattttctgggtccagacaggttcagtgccagtgga
76 S N R F S G V P D R F S G S G
   CDR2

271 tcagggacagatttcacactcaggatcagcagagtgaggctgag
91 S G T D F T L R I S R V E A E

316 gatctgggaatttattactgctttcaaggttcacatgttctcog
106 D L G I Y Y C F Q G S H V P P
   CDR3

361 acgttcggtggaggcaaccaagctggaaatcaaacgg
121 T F G G G T K L E I K R

```

【図 13】

→
マウス EM164 重鎖

```

1 atgggatggagctatatcatcctcttttggtagcaacagctaca
1 M G W S Y I I L F L V A T A T

46 gaagtccactcccaggtccaactgcagcagctctgggctgaactg
16 E V H S Q V Q L Q Q S G A E L
   ↓VH

91 gtgaagcctggggttcagtgaaagctgtcctgtaaggcttctggc
31 V K P G A S V K L S C K A S G

136 tacaccttcaccagctactggatgcactgggtgaagcagaggcct
46 Y T F T S Y W M H W V K Q R P
   CDR1

181 ggacaaggccttgagtgattggagagattaatcctagcaacggt
61 G Q G L E W I G E I N P S N G
   CDR2

226 cgtactaactacaatgagaagttcaagaggaagccacactgact
76 R T N Y N E K F K R K A T L T
   CDR2

271 gtagacaaatcctccagcacagcctacatgcaactcagcagcctg
91 V D K S S S T A Y M Q L S S L

316 acatctgaggactctgcggtctattactttgcaagaggaagacca
106 T S E D S A V Y Y F A R G R P
   CDR3

361 gattactacggtagtagcaagtggtactctgatgtctggggcgca
121 D Y Y G S S K W Y F D V W G A
   CDR3

406 gggaccacgggtcacggtctcctca
136 G T T V T V S S

```

【図 14】

マウス EM164 CDR

軽鎖	
CDR1:	R S S Q S I V H S N V N T Y L E
CDR2:	K V S N R F S
CDR3:	F Q G S H V P P T
重鎖	
CDR1:	S Y W M H
CDR2:	E I N P S N G R T N Y N E K F K R
CDR3:	G R P D Y Y G S S K W Y F D V
AbM 重鎖	
CDR1:	G Y T F T S Y W M H
CDR2:	E I N P S N G R T N
CDR3:	G R P D Y Y G S S K W Y F D V

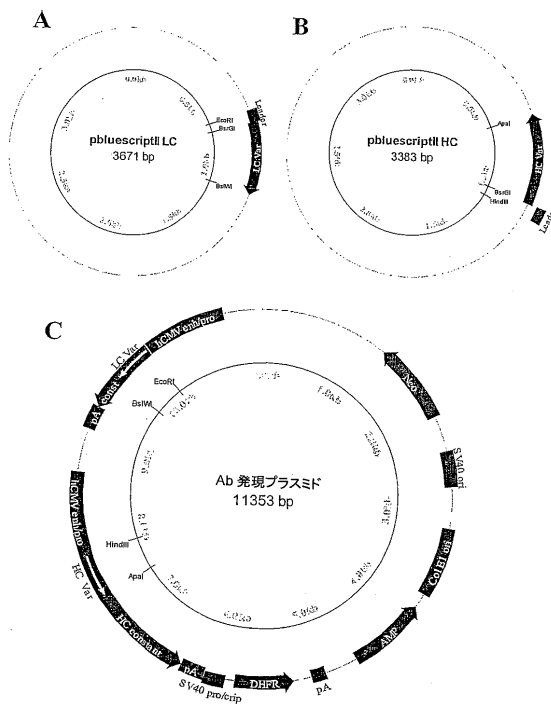
【図 15】

生殖細胞系列配列の比較

軽鎖		
Cr1	-	DVLMTQTPLSLPVS LGDQASISCRSSQSIVHSNGNTYLEWYLQKPGQSPK
muEM164	-	-----V-----
		50
Cr1	-	LLIYKVSNRFSGVPRFSGSGSGTDFTLKISRVEADLGYYCYCFQGSHPV
muEM164	-	-----R-----I-----
		100
重鎖		
J558.c	-	QVQLQQPGAGELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYMMHWKQRPQGGLWEIWE
muEM164	-	-----S-----
		50
J558.c	-	INPSNGRTNYNEKFKSKATLTVDKSSSTAYMQLSSPTSDSAVIYCAR
muEM164	-	-----R-----L-----P-----
		98

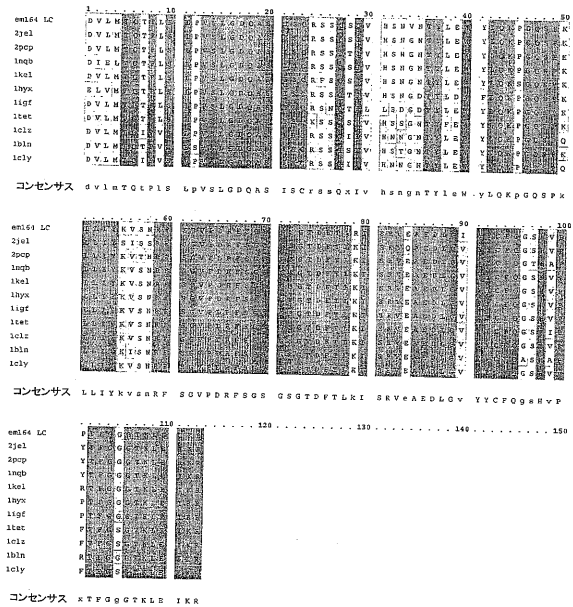
【図 16】

クローニングおよび哺乳動物発現プラスミド地図

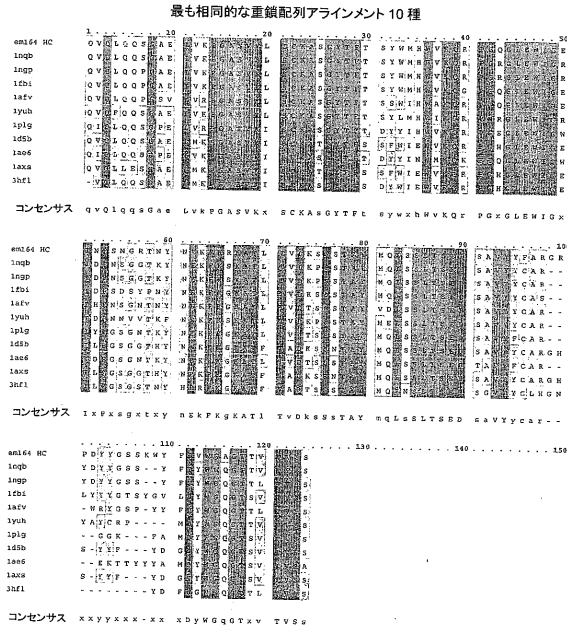


【図 17】

最も相同的な軽鎖配列アラインメント 10 種



【図 18】



【図 20】

マウスおよびヒト EM164 抗体の軽鎖可変領域アミノ酸配列

Kabat #	1	10	20	27c	35	45
muEM164	DVLMTQTPLS	LPVSLGDPAS	ISCRSSQSIV	HSNVNTYLEW	YLQKPGQSPK	
huEM164 v1.0	DVVMTQTPLS	LPVSLGDPAS	ISCRSSQSIV	HSNVNTYLEW	YLQKPGQSPK	
huEM164 v1.1	DVLMTQTPLS	LPVSLGDPAS	ISCRSSQSIV	HSNVNTYLEW	YLQKPGQSPK	
huEM164 v1.2	DVLMTQTPLS	LPVSLGDPAS	ISCRSSQSIV	HSNVNTYLEW	YLQKPGQSPK	
huEM164 v1.3	DVVMTQTPLS	LPVSLGDPAS	ISCRSSQSIV	HSNVNTYLEW	YLQKPGQSPK	
changes	*		*			*

Kabat #	46	55	65	75	85	95f
muEM164	LLIYKVSNNF	SGVPDRFSGS	GSQTDFTLRI	SRVEADLGI	YYCFQGSHPV	
huEM164 v1.0	LLIYKVSNNF	SGVPDRFSGS	GAGTDFTLRI	SRVEADLGI	YYCFQGSHPV	
huEM164 v1.1	LLIYKVSNNF	SGVPDRFSGS	GAGTDFTLRI	SRVEADLGI	YYCFQGSHPV	
huEM164 v1.2	LLIYKVSNNF	SGVPDRFSGS	GAGTDFTLRI	SRVEADLGI	YYCFQGSHPV	
huEM164 v1.3	LLIYKVSNNF	SGVPDRFSGS	GAGTDFTLRI	SRVEADLGI	YYCFQGSHPV	
changes			*			

Kabat #	96	105	108
muEM164	PTFGSGTKLE	IKR	
huEM164 v1.0	PTFGSGTKLE	IKR	
huEM164 v1.1	PTFGSGTKLE	IKR	
huEM164 v1.2	PTFGSGTKLE	IKR	
huEM164 v1.3	PTFGSGTKLE	IKR	
changes			

【図 21】

マウスおよびヒト EM164 抗体の重鎖可変領域アミノ酸配列

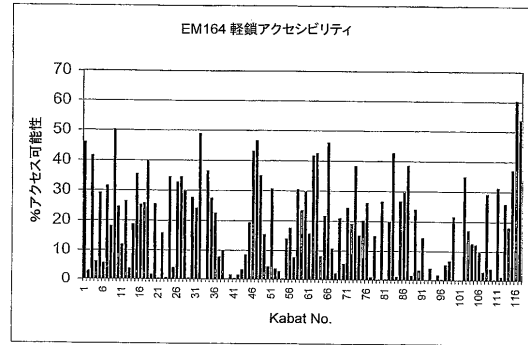
Kabat #	1	10	20	30	40	50
muEM164	QVQLQSGAE	LVPKASVKL	SCKASGYTFT	SYWMHWVKQR	PQGLEWIG	
huEM164	QVQLQSGAE	LVPKASVKL	SCKASGYTFT	SYWMHWVKQR	PQGLEWIG	
changes	*					

Kabat #	51	59	69	79	86	96
muEM164	INPSNGRTNY	NEKPKRATL	TVDKSSSTAY	MLSSLTSED	SAVIYFARGR	
huEM164	INPSNGRTNY	NQKPSKATL	TVDKSSSTAY	MLSSLTSED	SAVIYFARGR	
changes		*	*			

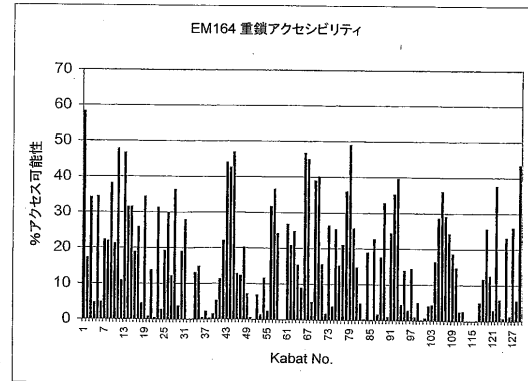
Kabat #	97	100f	109	113
muEM164	PDYVGSQKWY	FDVWGAGTIV	TVSS	
huEM164	PDYVGSQKWY	FDVWGAGTIV	TVSS	
changes		*		

【図 19】

A.



B.



【図 22】

huEM164 v1.0 可変領域 DNA およびアミノ酸配列

軽鎖

```

1 gatgttgatgacccaaactccactctccctgcctgtcagctctt
1 D V V V M T Q T P L S L P V S L
46 ggagatccagctccactctctcttcagatctagtcagagcatagta
16 G D P A S I S C R S S Q S I V
91 catagtaagttaaacacactatttagaattggtacctgcagaaacca
31 H S N V N T Y L E W Y L Q K P
136 ggccagctcccaaggctcctgatctacaaagttcccaaccgattt
46 G Q S P R L L I Y K V S N R F
181 tctggggtccagacaggttcagtgccagtgaggacagggacagat
61 S G V P D R F S G S G A G T D
226 ttcaactcaggtatcagcagagtgaggctgaggtatcggaatt
76 F T L R I S R V E A E D L G I
271 tattactgtttcaaggttcaatgttctccagcttctggtgga
91 Y Y C F Q G S H V P P T F G G
316 ggcaccaaactggaatcaaacgt
106 G T K L E I K R

```

重鎖

```

1 cagggtccaaactggtgagctctggggctgaagtggtagcctggg
1 Q V Q L V Q S G A E V V K P G
46 gcttcagtgagctgtcctgtaaggcttctgggtacaccttcacc
16 A S V K L S C K A S G Y T F T
91 agctactggatgcatgggtgaagcagagggcctggacaggcctt
31 S Y W M H W V K Q R P G Q G L
136 gagtggttgagagattaatcctagcaacggtcgtagtaactac
46 E W I G E I N P S N G R T N Y
181 aatcagaagttccagggaaggcccaactgactgtagacaaatcc
61 N Q K F Q G K A T L T V D K S
226 tccagcagagctacatgcactcagcagcctgacatctgaggac
76 S S T A Y M Q L S S L T S E D
271 tctggggtctattactttgcaagggaagaccagattactacggt
91 S A V Y Y F A R G R P D Y Y G
316 agtagcaagtggtactctgatgtctggggccaaggaccacggtc
106 S S K W Y F D V W G Q G T T V
361 accgtctcctca
121 T V S S

```

【図 2 3 A】

huEM164 v1.1, 1.2, 1.3 軽鎖可変領域 DNA およびアミノ酸配列

v1.1

```

1 gatgttttgcagcccaactccactctccctgcctgtcagtcctt
1 D V L M T Q T P L S L P V S L
46 ggagatccagcctccatctcttgcagatctagtcagagcatagta
16 G D P A S I S C R S S Q S I V
91 catagtaatgtaaacacctatttagaatggtaacctgcagaaacca
31 H S N V N T Y L E W Y L Q K P
136 ggccagctctccaaagctcctgatctacaaagttccaaccgattt
46 G Q S P K L L I Y K V S N R F
181 tctgggtcccagacaggttcagtgccagtgaggcaggacagat
61 S G V P D R F S G S G A G T D
226 ttcacactcaggatcagcagagtgaggctgaggatctgggaatt
76 F T L R I S R V E A E D L G I
271 tattactgctttcaaggttcacatgttcctccgacgttcggtgga
91 Y Y C F Q G S H V P P T F G G
316 ggcaccaaactggaaatcaaacgt
106 G T K L E I K R

```

v1.2

```

1 gatgttttgcagcccaactccactctccctgcctgtcagtcctt
1 D V L M T Q T P L S L P V S L
46 ggagatccagcctccatctcttgcagatctagtcagagcatagta
16 G D P A S I S C R S S Q S I V
91 catagtaatgtaaacacctatttagaatggtaacctgcagaaacca
31 H S N V N T Y L E W Y L Q K P
136 ggccagctctccaaagctcctgatctacaaagttccaaccgattt
46 G Q S P R L L I Y K V S N R F
181 tctgggtcccagacaggttcagtgccagtgaggcaggacagat
61 S G V P D R F S G S G A G T D
226 ttcacactcaggatcagcagagtgaggctgaggatctgggaatt
76 F T L R I S R V E A E D L G I
271 tattactgctttcaaggttcacatgttcctccgacgttcggtgga
91 Y Y C F Q G S H V P P T F G G
316 ggcaccaaactggaaatcaaacgt
106 G T K L E I K R

```

【図 2 3 B】

v1.3

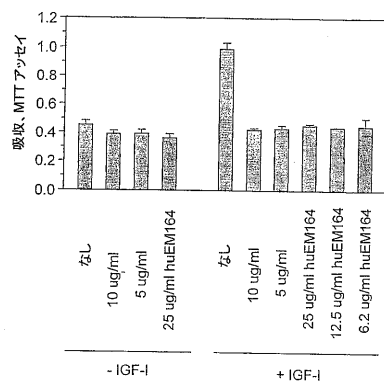
```

1 gatgttttgcagcccaactccactctccctgcctgtcagtcctt
1 D V V M T Q T P L S L P V S L
46 ggagatccagcctccatctcttgcagatctagtcagagcatagta
16 G D P A S I S C R S S Q S I V
91 catagtaatgtaaacacctatttagaatggtaacctgcagaaacca
31 H S N V N T Y L E W Y L Q K P
136 ggccagctctccaaagctcctgatctacaaagttccaaccgattt
46 G Q S P K L L I Y K V S N R F
181 tctgggtcccagacaggttcagtgccagtgaggcaggacagat
61 S G V P D R F S G S G A G T D
226 ttcacactcaggatcagcagagtgaggctgaggatctgggaatt
76 F T L R I S R V E A E D L G I
271 tattactgctttcaaggttcacatgttcctccgacgttcggtgga
91 Y Y C F Q G S H V P P T F G G
316 ggcaccaaactggaaatcaaacgt
106 G T K L E I K R

```

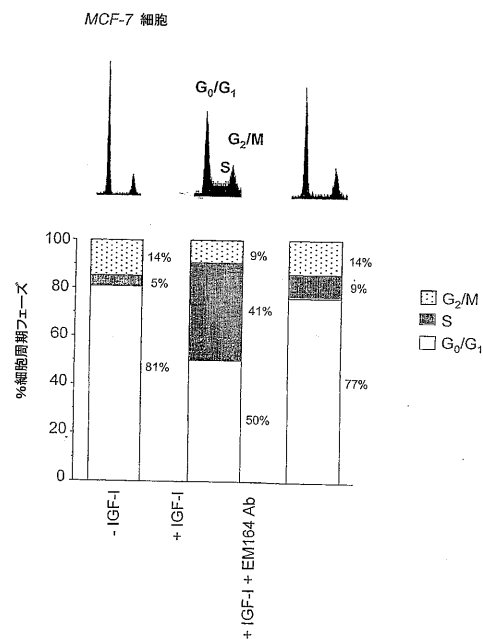
【図 2 4】

ヒト化 EM164 v1.0 抗体 (6~25 μ g/mL) 対マウス EM164 抗体 (5~10 μ g/mL) による、MCF-7 細胞の IGF-1 刺激増殖と生存の阻害の比較



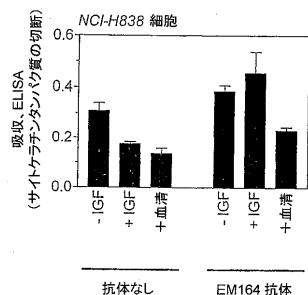
【図 2 5】

EM164 抗体による MCF-7 細胞の細胞周期停止



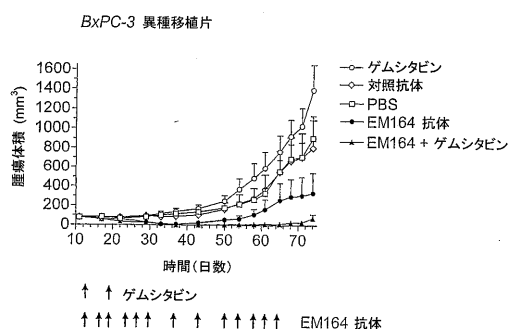
【 図 2 6 】

EM164 抗体による、NCI-H838 肺癌細胞のアポトーシスの誘導
(カスパーゼによる CK18 タンパク質の切断から測定)



【 図 2 7 】

単独のまたはゲムシタビンと併用した EM164 抗体処理による、
マウス中の BxPC-3 ヒト膵癌異種移植体の増殖の抑制



【 手続補正書 】

【 提出日 】平成16年10月29日 (2004.10.29)

【 手続補正 1 】

【 補正対象書類名 】特許請求の範囲

【 補正対象項目名 】全文

【 補正方法 】変更

【 補正の内容 】

【 特許請求の範囲 】

【 請求項 1 】

インスリン様増殖因子-I受容体 (IGF-IR) と特異的に結合する抗体または抗体フラグメントであって、上記受容体の拮抗薬でありかつ上記受容体に対する作動薬活性を実質的に欠くことを特徴とする上記抗体またはエピトープ結合抗体フラグメント。

【 請求項 2 】

再表面形成されている、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【 請求項 3 】

ヒトであるかまたはヒト化されている、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【 請求項 4 】

インスリン様増殖因子-I受容体と特異的に結合する抗体またはエピトープ結合抗体フラグメントであって、血清、インスリン様増殖因子-Iおよびインスリン様増殖因子-IIからなる群から選択される増殖刺激因子の存在のもとで癌細胞の増殖を約80%より大きく阻害することができる上記抗体または抗体フラグメント。

【 請求項 5 】

上記癌細胞がヒト癌細胞である、請求項 4 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【 請求項 6 】

少なくとも1つの相補性決定領域を含み、上記相補性決定領域が配列番号1～6：

SYWMH (配列番号 1)、
 EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、
 GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3)、
 RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、
 KVSNRFS (配列番号 5)、
 FQGSHPPT (配列番号 6) からなる群から選択される 1 つのアミノ酸配列を有する抗体または エピトープ結合抗体フラグメント であって、配列番号 5 が選択されるとき該抗体または抗体フラグメントが IGF-1R に特異的に結合する抗体または エピトープ結合抗体フラグメント。

【請求項 7】

少なくとも 1 つの重鎖領域および少なくとも 1 つの軽鎖領域を含み、上記重鎖領域が配列番号 1 ~ 3 :

SYWMH (配列番号 1)、
 EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、
 GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3)

によりそれぞれ表される 3 つの連続的な相補性決定領域を含み、かつ

上記軽鎖領域が配列番号 4 ~ 6 :

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、
 KVSNRFS (配列番号 5)、
 FQGSHPPT (配列番号 6)

によりそれぞれ表される 3 つの連続的な相補性決定領域を含むことを特徴とする抗体または エピトープ結合抗体フラグメント。

【請求項 8】

上記重鎖可変域が配列番号 7 :

QVQLQQSGAELVKGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKRPGQGLEWIGEINPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAY
 MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGAGTTVTSS (配列番号 7)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも 90% 配列同一性を有する、請求項 7 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 9】

上記重鎖可変域が配列番号 7 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも 95% 配列同一性を有する、請求項 8 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 10】

上記重鎖可変域が配列番号 7 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 8 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 11】

上記軽鎖可変域が配列番号 8 :

DVLTQTPLSLPVSLGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLRIS
 SRVEAEDLGIIYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 8)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも 90% 配列同一性を有する、請求項 7 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 12】

上記軽鎖可変域が配列番号 8 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも 95% 配列同一性を有する、請求項 11 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 13】

上記軽鎖可変域が配列番号 8 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 11 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 14】

少なくとも 1 つの相補性決定領域を含み、上記相補性決定領域が配列番号 1 ~ 6 :

SYWMH (配列番号 1)、
 EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、

GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3)、
 RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、
 KVSNRFS (配列番号 5)、
 FQGSHVPPT (配列番号 6) からなる群から選択される 1 つのアミノ酸配列を有する、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 15】

少なくとも 1 つの重鎖 可変域 および少なくとも 1 つの軽鎖 可変域 を含み、上記重鎖 可変域 が配列番号 1 ~ 3 :

SYWMH (配列番号 1)、
 EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2)、
 GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3)

によりそれぞれ表される 3 つの連続的な相補性決定領域を含み、かつ

上記軽鎖 可変域 が配列番号 4 ~ 6 :

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4)、
 KVSNRFS (配列番号 5)、
 FQGSHVPPT (配列番号 6)

によりそれぞれ表される 3 つの連続的な相補性決定領域を含むことを特徴とする、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 16】

上記抗体または抗体フラグメントが配列番号 7 :

QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKRPGQGLEWIGEINPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAY
 MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGAGTTVTVSS (配列番号 7)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも 90% 配列同一性を有する重鎖 可変域 を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 17】

上記重鎖 可変域 が配列番号 7 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも 95% 配列同一性を有する、請求項 16 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 18】

上記重鎖 可変域 が配列番号 7 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 16 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 19】

上記抗体または抗体フラグメントが配列番号 8 :

DVLTMTQTPSLPVS LGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGSGTDFTLR I
 SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 8)

により表されるアミノ酸配列と少なくとも 90% 配列同一性を有する軽鎖 可変域 を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 20】

上記軽鎖 可変域 が配列番号 8 により表される上記アミノ酸配列と少なくとも 95% 配列同一性を有する、請求項 19 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 21】

上記軽鎖 可変域 が配列番号 8 により表されるアミノ酸配列を有する、請求項 19 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 22】

DVVTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPRLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I
 SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 9) ;

DVLTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I
 SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 10) ;

DVLTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPRLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I
 SRVEAEDLG IYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 11) ; および

DVVTMTQTPSLPVS LGDPASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVS NRFS GVPDRFSGSGAGTDFTLR I

SRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 1 2)

からなる群から選択される配列を有する軽鎖可変域を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 2 3】

配列番号 13 :

QVQLVQSGAEVVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKQRPQGQLEWIGEINPSNGRTNYNQKFQGKATLTVDKSSSTAY
MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGQGTITVTVSS (配列番号 1 3)

により表される配列を有する重鎖可変域を含む、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 2 4】

請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントおよび製薬上許容される担体を含む医薬組成物。

【請求項 2 5】

細胞傷害薬に連結された、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントを含むコンジュゲート。

【請求項 2 6】

上記細胞傷害薬がメイタンシノイド、低分子薬剤、プロドラッグ、タキソイド、CC-1065 および CC-1065 類似体からなる群から選択される、請求項 2 5 に記載のコンジュゲート。

【請求項 2 7】

請求項 2 6 に記載のコンジュゲートおよび製薬上許容される担体を含む医薬組成物。

【請求項 2 8】

上記抗体または抗体フラグメントが標識されている、請求項 2 4 または請求項 2 7 の組成物を含む診断試薬。

【請求項 2 9】

上記標識が放射標識、蛍光体、発色体、イメージング剤および金属イオンからなる群から選択される、請求項 2 8 の診断試薬。

【請求項 3 0】

癌細胞の増殖を阻害する方法であって、上記細胞を請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

【請求項 3 1】

癌患者を治療する方法であって、上記患者に請求項 1 の抗体または抗体フラグメントの有効量を投与することを含む上記方法。

【請求項 3 2】

さらに上記患者に治療薬を投与することを含む、請求項 3 1 に記載の方法。

【請求項 3 3】

上記治療薬が細胞傷害薬である、請求項 3 2 に記載の方法。

【請求項 3 4】

癌患者を治療する方法であって、上記患者に請求項 2 5 に記載のコンジュゲートの有効量を投与することを含む上記方法。

【請求項 3 5】

上記癌が乳癌、大腸癌、卵巣癌、骨肉腫、子宮頸癌、前立腺癌、肺癌、滑膜癌および膀胱癌からなる群から選択される癌である、請求項 3 1 に記載の方法。

【請求項 3 6】

癌の疑いがある被験者を診断する方法であって、上記被験者に請求項 2 8 に記載の診断試薬を投与するステップ；および上記被験者内の上記試薬の分布を検出するステップを含む上記方法。

【請求項 3 7】

上記癌が乳癌、大腸癌、卵巣癌、骨肉腫、子宮頸癌、前立腺癌、肺癌、滑膜癌および膀胱癌からなる群から選択される癌である、請求項 3 6 に記載の診断の方法。

【請求項 3 8】

インスリン様増殖因子-I受容体と特異的に結合する改良された抗体またはエピトープ結合抗体フラグメントであって、

(a)配列番号 1 ~ 8 :

SYWMH (配列番号 1),

EINPSNGRTNYNEKFKR (配列番号 2),

GRPDYYGSSKWYFDV (配列番号 3),

RSSQSIVHSNVNTYLE (配列番号 4),

KVSNRFS (配列番号 5),

FQGSHPPT (配列番号 6),

QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKQRPQGLEWIGEINPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAY
MQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDYYGSSKWYFDVWGAGTTTVTVSS (配列番号 7),

DVLTMTQTPLSLPVSLGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLRIS
SRVEAEDLGIIYYCFQGSHPPTFGGGTKLEIKR (配列番号 8);

からなる群から選択される少なくとも 1 つの配列を含む抗体またはそのフラグメントをコードする DNA を提供するステップ;

(b)上記 DNA 中に少なくとも 1 つのヌクレオチド突然変異、欠失または挿入を導入して、上記 DNA によりコードされる上記抗体または抗体フラグメントのアミノ酸配列を変えるステップ;

(c)上記抗体または抗体フラグメントを発現するステップ;

(d)上記発現された抗体または抗体フラグメントを上記改良についてスクリーニングしてそれにより上記改良された抗体またはその抗体フラグメントを調製するステップ、により調製される上記改良された抗体またはその抗体フラグメント。

【請求項 39】

上記改良が IGF-I 受容体との親和性の増加である、請求項 38 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 40】

上記少なくとも 1 つのヌクレオチド突然変異、欠失または挿入を、オリゴヌクレオチドが媒介する位置指定突然変異誘発、カセット変異誘発、誤りがちな PCR、DNA シャッフリング、または大腸菌 (E. coli) の突然変異体株の使用からなる群から選択される方法により行うことを特徴とする、請求項 38 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 41】

請求項 6、7、8 または 11 のいずれか 1 項に記載の抗体または抗体フラグメントをコードするポリヌクレオチド。

【請求項 42】

請求項 6、7、8 または 11 のいずれか 1 項に記載の抗体または抗体フラグメントの軽または重鎖可変域をコードするポリヌクレオチド。

【請求項 43】

請求項 41 のポリヌクレオチドを含むベクター。

【請求項 44】

請求項 42 のポリヌクレオチドを含むベクター。

【請求項 45】

上記抗体または抗体フラグメントを発現することができる発現ベクターである、請求項 43 に記載のベクター。

【請求項 46】

上記抗体または抗体フラグメントを発現することができる発現ベクターである、請求項 44 に記載のベクター。

【請求項 47】

ATCC (American Type Culture Collection) に受託番号 PTA-4457 として寄託されているハイブリドーマ細胞系統により産生されるマウス抗体 EM164、またはインスリン様増殖因子-I 受容体と特異的に結合するそのエピトープ結合抗体フラグメントであって、上記受容体

の拮抗薬でありかつ上記受容体に対する作動薬活性を実質的に欠くことを特徴とする上記抗体またはフラグメント。

【請求項 48】

ATCC (American Type Culture Collection) に受託番号 PTA-4457 として寄託されているハイブリドーマ細胞系統により産生される EM164 から誘導されたヒト化または再表面形成した抗体、またはインスリン様増殖因子-I 受容体と特異的に結合するそのエピトープ結合抗体フラグメントであって、上記受容体の拮抗薬でありかつ上記受容体に対する作動薬活性を実質的に欠くことを特徴とする上記抗体またはフラグメント。

【請求項 49】

上記 IGF-IR がヒト IGF-IR である、請求項 1 に記載の抗体またはフラグメント。

【請求項 50】

ATCC (American Type Culture Collection) に受託番号 PTA-4457 として寄託されているハイブリドーマ細胞系統 EM164。

【請求項 51】

細胞のアポトーシスを誘導する方法であって、上記細胞を請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

【請求項 52】

細胞のアポトーシスを誘導する方法であって、上記細胞を請求項 47 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

【請求項 53】

細胞のアポトーシスを誘導する方法であって、上記細胞を請求項 48 に記載の抗体または抗体フラグメントと接触させることを含む上記方法。

【請求項 54】

上記細胞が癌細胞である、請求項 51、52 または 53 に記載の方法。

【請求項 55】

抗体または抗体フラグメントが、

- a) 上記 IGF-IR を活性化することなく IGF-IR の細胞機能を阻害する特性；
- b) 血清の存在のもとで少なくとも 80% だけ腫瘍細胞増殖を阻害する特性；
- c) IGF-IR と 0.3×10^{-9} M 以下の K_D で結合する特性；
- d) IGF-I の IGF-IR との結合を阻害する特性；
- e) IGF-I が媒介する IGF-IR による細胞シグナル伝達を阻害する特性；
- f) IGF-I が誘導する IGF-IR リン酸化を阻害する特性；
- g) IGF-I および IGF-II が媒介する細胞増殖と生存を阻害する特性；
- h) アフリカミドリザル IGF-IR と結合するが、マウス、チャイニーズハムスターまたはヤギ IGF-IR と結合しない特性；および
- i) IRS-1、Akt および Erk1/2 の活性化を阻害する特性

からなる群から選択される少なくとも 1 つの特性を有することを特徴とする、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 56】

請求項 55 に記載の特性の全てを有する、請求項 55 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 57】

上記抗体または抗体フラグメントが

- a) 免疫グロブリン (Ig) G1-4、IgM、IgA1-2、IgD もしくは IgE 分子であるかまたはそれらから誘導されるか；または
- b) 1 本鎖抗体、1 本鎖抗体フラグメント (scFv)、Fab フラグメント、 $F(ab')_2$ フラグメント、または少なくとも 3 つの CDR を含有するフラグメントである、請求項 1 に記載の抗体または抗体フラグメント。

【請求項 58】

請求項 43 に記載のベクターを含む宿主細胞。

【請求項 59】

請求項 44 に記載のベクターを含む宿主細胞。

【請求項 60】

抗 IGF-1R 抗体または エピトープ結合 抗体フラグメントを作る方法であって、請求項 58 に記載の宿主細胞を上記抗 IGF-1R 抗体または 抗体 フラグメントを発現するのに好適な条件のもとで培養するステップ、および上記抗 IGF-1R 抗体または 抗体 フラグメントを回収するステップを含む上記方法。

【請求項 61】

抗 IGF-1R 抗体または エピトープ結合 抗体フラグメントを作る方法であって、請求項 59 に記載の宿主細胞を上記抗 IGF-1R 抗体または 抗体 フラグメントを発現するのに好適な条件のもとで培養するステップ、および上記抗 IGF-1R 抗体または 抗体 フラグメントを回収するステップを含む上記方法。

【 国際調査報告 】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/US03/16211

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER		
IPC(7) : C07K 16/00; A61K 39/395; C07H 21/04; C12N 15/00, 21/00		
US CL : 530/387.3, 388.22, 388.8; 424/133.1, 143.1, 155.1; 536/23.53; 435/69.1, 70.21		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED		
Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) U.S. : 530/387.3, 388.22, 388.8; 424/133.1, 143.1, 155.1; 536/23.53; 435/69.1, 70.21		
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched		
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used) Please See Continuation Sheet		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 00/34780 A1 (NOVARTIS AG) 15 June 2000 (15.06.2002), see page 15, SEQ Id No. 10 last seven residues of first row of Seq 10.	6
A	MALONEY et al. An anti-insulin-like growth factor I receptor antibody that is a potent inhibitor of cancer cell proliferation. Cancer Research. 15 August 2003, Vol. 63, No. 16:5073-5083. See entire document.	1-61
☐ Further documents are listed in the continuation of Box C. ☐ See patent family annex.		
* Special categories of cited documents:		
"A"	document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"T"
"E"	earlier application or patent published on or after the international filing date	"X"
"L"	document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"Y"
"O"	document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	"&"
"P"	document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	
Date of the actual completion of the international search 22 July 2004 (22.07.2004)		Date of mailing of the international search report 06 AUG 2004
Name and mailing address of the ISA/US Mail Stop PCT, Attn: ISA/US Commissioner for Patents P.O. Box 1450 Alexandria, Virginia 22313-1450 Facsimile No. (703) 872-9306		Authorized officer David I. Blanchard Telephone No. (571) 272-1600

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 1998)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

PCT/US03/16211

Continuation of B. FIELDS SEARCHED Item 3:

WEST, Medline, Biosis, EMBASE, Cancerlit, Geneseq, issued and published patents, PIR 78, Swissprot, SPTREMBL.
Search terms: SEQ ID NOS:1-13, IGF-I, IGF-IR, antibody, EM164, PTA-4457, humanized.

フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	F I	テーマコード(参考)
C 1 2 N 1/15	A 6 1 P 35/00	
C 1 2 N 1/19	A 6 1 P 43/00	1 0 5
C 1 2 N 1/21	C 0 7 K 16/28	
C 1 2 N 5/06	C 1 2 N 1/15	
C 1 2 N 5/10	C 1 2 N 1/19	
C 1 2 P 21/08	C 1 2 N 1/21	
G 0 1 N 33/534	C 1 2 P 21/08	
// C 1 2 P 21/02	G 0 1 N 33/534	
	C 1 2 N 5/00	A
	C 1 2 N 5/00	B
	C 1 2 N 5/00	E
	C 1 2 P 21/02	C

(81)指定国 AP(GH,GM,KE,LS,MW,MZ,SD,SL,SZ,TZ,UG,ZM,ZW),EA(AM,AZ,BY,KG,KZ,MD,RU,TJ,TM),EP(AT, BE,BG,CH,CY,CZ,DE,DK,EE,ES,FI,FR,GB,GR,HU,IE,IT,LU,MC,NL,PT,RO,SE,SI,SK,TR),OA(BF,BJ,CF,CG,CI,CM,GA, GN,GQ,GW,ML,MR,NE,SN,TD,TG),AE,AG,AL,AM,AT,AU,AZ,BA,BB,BG,BR,BY,BZ,CA,CH,CN,CO,CR,CU,CZ,DE,DK,DM,DZ, EC,EE,ES,FI,GB,GD,GE,GH,GM,HR,HU,ID,IL,IN,IS,JP,KE,KG,KP,KR,KZ,LC,LK,LR,LS,LT,LU,LV,MA,MD,MG,MK,MN,M W,MX,MZ,NI,NO,NZ,OM,PH,PL,PT,RO,RU,SC,SD,SE,SG,SK,SL,TJ,TM,TN,TR,TT,TZ,UA,UG,UZ,VC,VN,YU,ZA,ZM,ZW

(72)発明者 シング, ラジェエヴァ

アメリカ合衆国 0 2 1 3 8 マサチューセッツ州, ケンブリッジ, ウェンデル ストリート 2
1, ナンバー 1 2 エー

(72)発明者 タヴァレス, ダニエル, ジェイ.

アメリカ合衆国 0 1 7 6 0 マサチューセッツ州, ナティック, シルヴェスター ロード 2 7

(72)発明者 ダグディジャン, ナンシー, イー.

アメリカ合衆国 0 1 7 2 0 マサチューセッツ州, アクトン, チャーチ ストリート 7

F ターム(参考) 4B024 AA01 AA11 BA44 BA53 BA61 CA04 CA07 CA20 DA02 DA03
EA04 FA02 GA03 GA11 GA25 HA01 HA15
4B064 AG26 AG27 CA01 CA10 CA19 CA20 CC01 CC24 DA01 DA13
4B065 AA01X AA58X AA72X AA87X AA90X AA91X AA91Y AA93X AA93Y AB01
AB05 AC14 AC20 BA02 BA08 BA16 BA30 CA24 CA25 CA43
CA44 CA46
4C085 AA13 AA14
4H045 AA11 AA20 AA30 BA10 BA41 CA40 DA75 DA76 EA20 EA50
FA72 FA74

专利名称(译)	<无法获取翻译>		
公开(公告)号	JP2005533493A5	公开(公告)日	2009-07-16
申请号	JP2004513434	申请日	2003-06-12
[标]申请(专利权)人(译)	伊缪诺金公司		
申请(专利权)人(译)	Imunojen公司		
[标]发明人	シングラジェエヴァ タヴァレスダニエルジェイ ダグディジャンナンシーイー		
发明人	シング,ラジェエヴァ タヴァレス,ダニエル,ジェイ. ダグディジャン,ナンシー,イー.		
IPC分类号	C12N15/09 A61K39/395 A61P35/00 A61P43/00 C07K16/28 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12P21/08 G01N33/534 C12N5/10 C12N5/06 C12P21/02		
CPC分类号	A61K39/39558 A61K31/337 A61K31/4745 A61K39/39541 A61K39/3955 A61K45/06 A61K2039/505 C07K16/2863 C07K2317/24 C07K2317/55 C07K2317/56 C07K2317/565 C07K2317/73 C07K2317/76 C07K2317/92		
FI分类号	C12N15/00.ZNA.A A61K39/395.D A61K39/395.E A61K39/395.N A61K39/395.T A61P35/00 A61P43/00.105 C07K16/28 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12P21/08 G01N33/534 C12N5/00.A C12N5/00.B C12N5/00.E C12P21/02.C		
F-TERM分类号	4B024/AA01 4B024/AA11 4B024/BA44 4B024/BA53 4B024/BA61 4B024/CA04 4B024/CA07 4B024/CA20 4B024/DA02 4B024/DA03 4B024/EA04 4B024/FA02 4B024/GA03 4B024/GA11 4B024/GA25 4B024/HA01 4B024/HA15 4B064/AG26 4B064/AG27 4B064/CA01 4B064/CA10 4B064/CA19 4B064/CA20 4B064/CC01 4B064/CC24 4B064/DA01 4B064/DA13 4B065/AA01X 4B065/AA58X 4B065/AA72X 4B065/AA87X 4B065/AA90X 4B065/AA91X 4B065/AA91Y 4B065/AA93X 4B065/AA93Y 4B065/AB01 4B065/AB05 4B065/AC14 4B065/AC20 4B065/BA02 4B065/BA08 4B065/BA16 4B065/BA30 4B065/CA24 4B065/CA25 4B065/CA43 4B065/CA44 4B065/CA46 4C085/AA13 4C085/AA14 4H045/AA11 4H045/AA20 4H045/AA30 4H045/BA10 4H045/BA41 4H045/CA40 4H045/DA75 4H045/DA76 4H045/EA20 4H045/EA50 4H045/FA72 4H045/FA74		
优先权	10/170390 2002-06-14 US		
其他公开文献	JP2005533493A JP4699754B2		

摘要(译)

抗体，人源化抗体，表面重构抗体，抗体片段，衍生化抗体和这些分子与细胞毒性剂的结合物，其特异性结合并抑制胰岛素样生长因子-I受体，拮抗IGF-I的作用，并且基本上不含对胰岛素样生长因子-I受体的激动剂活性。这些分子可以与细胞毒性剂结合，用于治疗表达升高水平的IGF-I受体的肿瘤，例如乳腺癌，结肠癌，肺癌，卵巢癌，滑膜肉瘤和胰腺癌。还可以标记这些分子用于体外和体内诊断用途，例如用于表达升高的IGF-I受体水平的肿瘤的診断和成像。

