

1B9 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCEAWDYYVAAGYFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:1)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: EAWDYYVAAGY (SEQ ID NO:12)

1H9 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDSADASGVFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:2)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: DSWDSADASGV (SEQ ID NO:13)

1H10

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDYDYAAGVFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:3)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: DSWDYDYAAGV (SEQ ID NO:14)

Figure 1

2C7 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDSYLAAGVFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:4)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: DSWDSYLAAGV (SEQ ID NO:15)

2F4 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCESWDYDYASGVFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:5)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: ESWDYDYASGV (SEQ ID NO:16)

2G6 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDSSDSSGVFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:6)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: DSWDSSDSSGV (SEQ ID NO:17)

Figure 1 (Cont.)

1D9 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCEAWDSAYAAGSFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:7)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYV (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: EAWDSAYAAGS (SEQ ID NO:18)

1F4 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDAALSAGVFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:8)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: DSWDAALSAGV (SEQ ID NO:19)

2C8 clone

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNN
WRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCESWDAAAAAGYFGGGT
KLTVL (SEQ ID NO:9)

LC-CDR1: SGSSSNIGNNNYVS (SEQ ID NO:10)

LC-CDR2: GNNWRPS (SEQ ID NO:11)

LC-CDR3: ESWDAAAAAGY (SEQ ID NO:20)

Figure 1 (Cont.)

1B9 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGSDA
WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:21)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGSDA	(SEQ ID NO:32)

1H9 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGFDD
WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:22)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGFDD	(SEQ ID NO:33)

1H10

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGFDS
WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:23)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGFDS	(SEQ ID NO:34)

Figure 2

2C7 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGYDY
WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO:24)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGYDY	(SEQ ID NO:35)

2F4 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGSDA
WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO:25)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGSDA	(SEQ ID NO:36)

2G6 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGFDS
WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO:26)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGFDS	(SEQ ID NO:37)

Figure 2 (Cont.)

1D9 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYYAGDDY
WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:27)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYAGDDY	(SEQ ID NO:38)

1F4 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGYDY
WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:28)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGYDY	(SEQ ID NO:39)

2C8 clone

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEIN
HSGSTNYPNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGSDA
WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:29)

HC-CDR1:	GGSFSGYYWS	(SEQ ID NO:30), or
	GYYWS	(SEQ ID NO:61)
HC-CDR2:	EINHSGSTNYPNPSLKS	(SEQ ID NO:31)
HC-CDR3:	GYVAGSDA	(SEQ ID NO:40)

Figure 2 (Cont.)

Clone	CDR L1	CDR L2	CDR L3
Light Chain			
1B9	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	EAWDYYVAAGY (SEQ ID NO:12)
1H9	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	DSWDSADASGV (SEQ ID NO:13)
1H10	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	DSWDYDYAAGV (SEQ ID NO:14)
2C7	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	DSWDSYLAAGV (SEQ ID NO:15)
2F4	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	ESWDYDYASGV (SEQ ID NO:16)
2G6	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	DSWDSSDSSGV (SEQ ID NO:17)
1D9	SGSSSNIGNNYV (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	EAWDSAYAAGS (SEQ ID NO:18)
1F4	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	DSWDAALSAGV (SEQ ID NO:19)
2C8	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	ESWDAAAAAGY (SEQ ID NO:20)
Consensus	SGSSSNIGNNYVS (SEQ ID NO:10)	GNNWRPS (SEQ ID NO:11)	X ₁ X ₂ WDX ₃ X ₄ X ₅ X ₆ X ₇ GX ₈ X ₁ = E or D X ₂ = A or S X ₃ = Y, S or A X ₄ = Y, A, D or S X ₅ = V, D, Y, L or A X ₆ = A or S X ₇ = A or S X ₈ = Y, V or S (SEQ ID NO:41)

Figure 3

Clone	CDR H1	CDR H2	CDR H3
Heavy Chain			
1B9	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGSDA (SEQ ID NO:32)
1H9	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGFDD (SEQ ID NO:33)
1H10	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGFDS (SEQ ID NO:34)
2C7	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGYDY (SEQ ID NO:35)
2F4	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGSDA (SEQ ID NO:36)
2G6	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGFDS (SEQ ID NO:37)
1D9	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGDDY (SEQ ID NO:38)
1F4	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGYDY (SEQ ID NO:39)
2C8	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYVAGSDA (SEQ ID NO:40)
Consensus	GGSFSGYYWS (SEQ ID NO:30), or GYYWS (SEQ ID NO:61)	EINHSGSTNYPNPSLKS (SEQ ID NO:31)	GYZ ₁ AGZ ₂ DZ ₃ Z ₁ = V or Y Z ₂ = S, F, Y, D Z ₃ = A, D, S, Y (SEQ ID NO:42)

Figure 3 (Cont.)

Light chain variable domains**1B9 clone**

>1B9_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCEAWDYVAAGYFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 1]

>1B9_ntd_L

CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGAAGCTTGGGATTATTATGTTGCTGCTG
GGTATTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 43]

1H9 clone

>1H9_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDSADASGVFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 2]

>1H9_ntd_L

CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGATTCTTGGGATTCTGCTGATGCTTCTG
GGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 44]

Figure 4

1H10 clone

>1H10_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDYDYAAGVFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 3]

>1H10_ntd_L

CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGATTCTTGGGATTATGATTATGCTGCTG
GGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 45]

2C7 clone

>2C7_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDSYLAAGVFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 4]

>2C7_ntd_L

CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGATTCTTGGGATTCTTATCTTGCTGCTG
GGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 46]

Figure 4 (Cont.)

2F4 clone

>2F4_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCESWDYDYASGVFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 5]

>2F4_ntd_L

CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGAATCTTGGGATTATGATTATGCTTCTG
GGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 47]

2G6 clone

>2G6_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDSSDSSGVFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 6]

>2G6_ntd_L

CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGATTCTTGGGATTCTTCTGATTCTTCTG
GGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 48]

Figure 4 (Cont.)

1D9 clone

>1D9_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCEAWDSAYAAGSFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 7]

>1D9_ntd_L

CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGAAGCTTGGGATTCTGCTTATGCTGCTG
GGTCTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 49]

1F4 clone

>1F4_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCDSWDAALSAGVFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 8]

>1F4_ntd_L

CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGATTCTTGGGATGCTGCTCTTTCTGCTG
GGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 50]

Figure 4 (Cont.)

2C8 clone

>2C8_aa_L

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYGNNWRPSGI
PDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCESWDAAAAAGYFGGGTKLTVL [SEQ ID
NO. 9]

>2C8_ntd_L

CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCAT
CTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGC
TCCCAGGAACAGCCCCCAAACCTCCTCATTTATGGCAATAATTGGCGACCCTCAGGGATT
CCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACT
TCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGAATCTTGGGATGCTGCTGCTGCTGCTG
GGTATTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA [SEQ ID NO. 51]

Heavy chain variable domains**1B9 clone**

>1B9_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGSDAWGQGTLVTVSS
[SEQ ID NO. 21]

>1B9_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCCTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTCTGATGCTTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 52]

Figure 4 (Cont.)

1H9 clone

>1H9_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGFDDWGQGLVTVSS
[SEQ ID NO. 22]

>1H9_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCCTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTTTGATGATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 53]

1H10 clone

>1H10_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGFDSWGQGLVTVSS
[SEQ ID NO. 23]

>1H10_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCCTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTTTGATTCTTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 54]

Figure 4 (Cont.)

2C7 clone

>2C7_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGYDYWGQGTLVTVSS
[SEQ ID NO. 24]

>2C7_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCTTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTATGATTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 55]

2F4 clone

>2F4_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGSDAWGQGTLVTVSS
[SEQ ID NO. 25]

>2F4_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCTTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTCTGATGCTTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 56]

Figure 4 (Cont.)

2G6 clone

>2G6_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGFDSWGQGTLVTVSS
[SEQ ID NO. 26]

>2G6_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCCTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTTTGATTCTTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 57]

1D9 clone

>1D9_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYYAGDDYWGQGTLVTVSS
[SEQ ID NO. 27]

>1D9_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCCTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATTATGCTGGCGATGATTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 58]

Figure 4 (Cont.)

1F4 clone

>1F4_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGYDYWGQGTLVTVSS
[SEQ ID NO. 28]

>1F4_ntd_H

CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTATGATTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 59]

2C8 clone

>2C8_aa_H

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSGYYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNY
NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARGYVAGSDAWGQGTLVTVSS
[SEQ ID NO. 29]

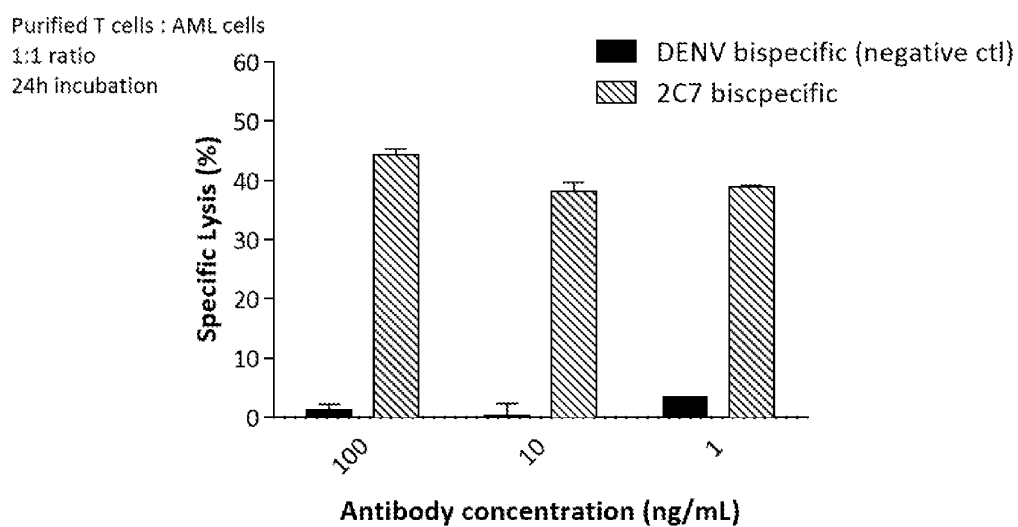
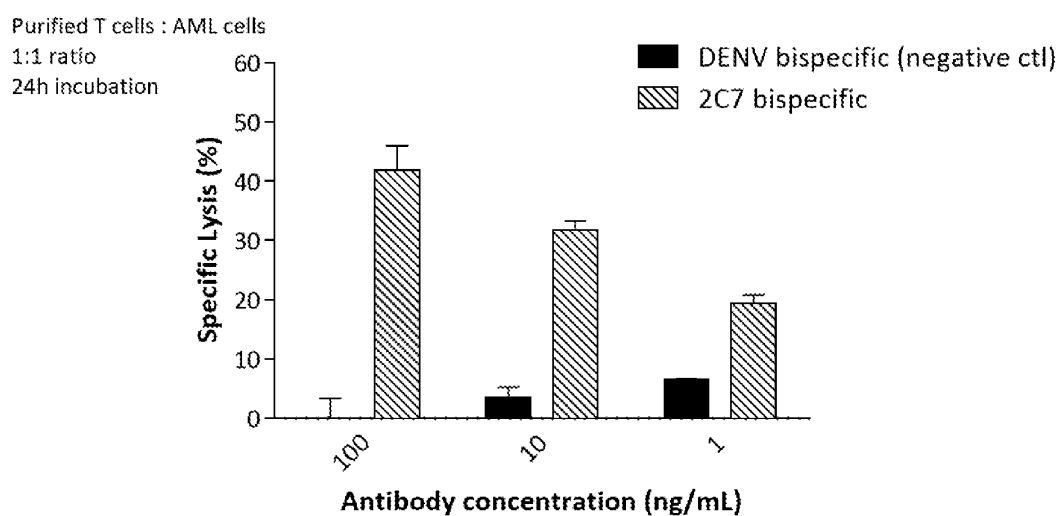
>2C8_ntd_H

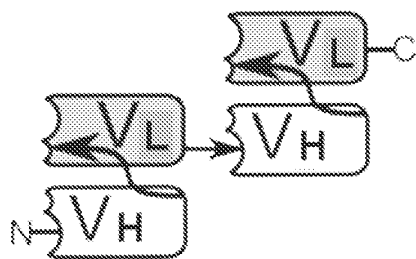
CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT
CACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGC
CCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGCACCAACTAC
AACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC
CTTGAAACTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCT
ATGTTGCTGGCTCTGATGCTTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCAAGC [SEQ
ID NO. 60]

Figure 4 (Cont.)

Clones	Off rate in SPR assay with culture supernatants $K_d (s^{-1})$	Off rate in SPR assay with crude periplasmic extracts $K_d (s^{-1})$
1H10	2.9×10^{-5}	2.3×10^{-5}
1B9	4.3×10^{-5}	2.8×10^{-5}
2F4	8.7×10^{-5}	1.4×10^{-4}
2G6	1.3×10^{-4}	2.2×10^{-4}
1H9	1.6×10^{-4}	7.0×10^{-5}
1D9	1.8×10^{-4}	1.8×10^{-4}
2C7	2.1×10^{-4}	1.9×10^{-4}
1F4	3.0×10^{-4}	2.9×10^{-4}
2C8	4.1×10^{-4}	3.9×10^{-4}

Figure 5

**Figure 6****Figure 7**



tandem di-scFv

Figure 8