FIG. 1A

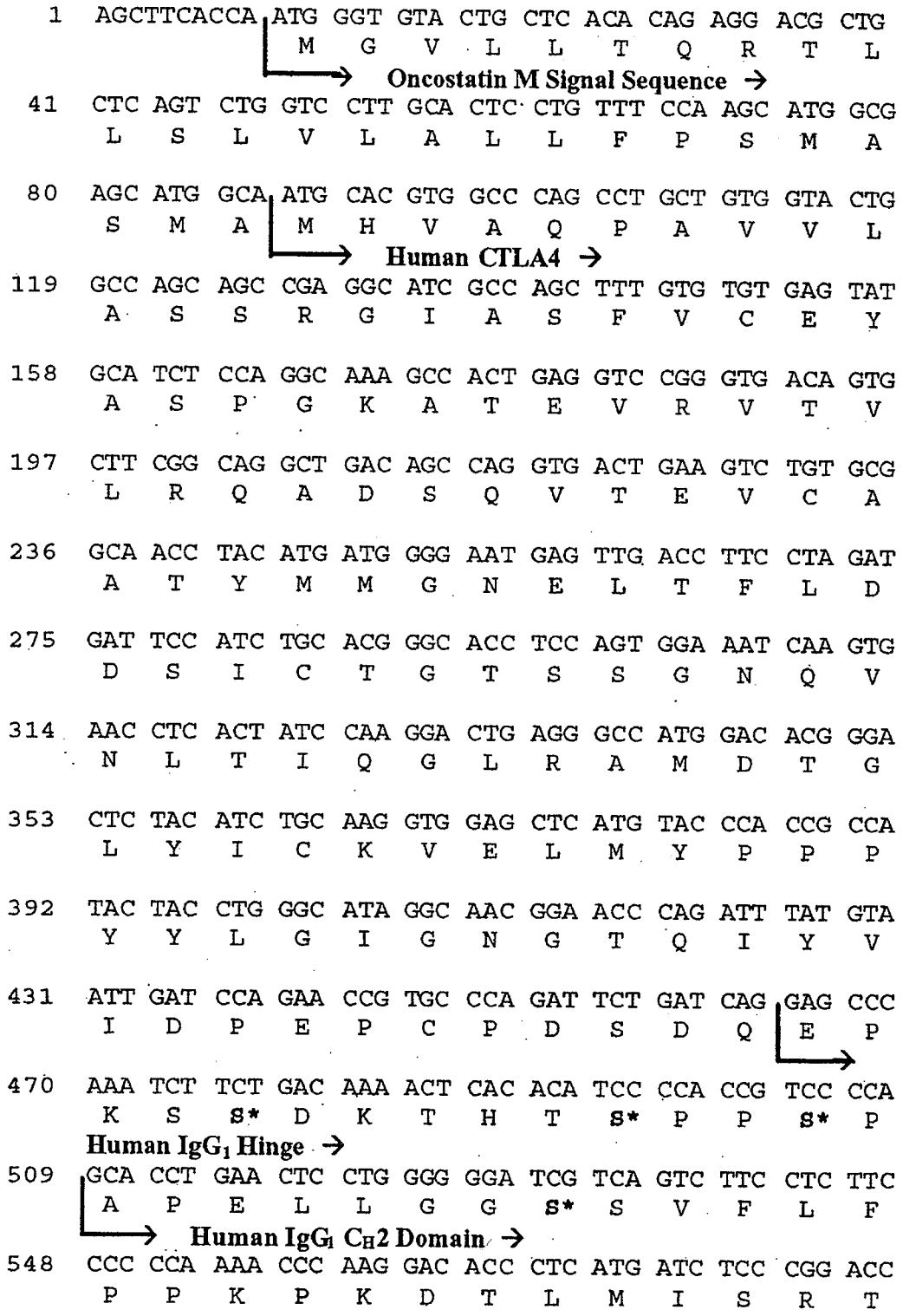

1 AGCTTCACCA ATG GGT GTA CTG CTC ACA CAG AGG ACG CTG
M G V L L T Q R T L
Oncostatin M Signal Sequence →
41 CTC AGT CTG GTC CTT GCA CTC CTG TTT CCA AGC ATG GCG
L S L V L A L L F P S M A
80 AGC ATG GCA ATG CAC GTG GCC CAG CCT GCT GTG GTA CTG
S M A M H V A Q P A V V L
Human CTLA4 →
119 GCC AGC AGC CGA GGC ATC GCC AGC TTT GTG TGT GAG TAT
A S S R G I A S F V C E Y
158 GCA TCT CCA GGC AAA GCC ACT GAG GTC CGG GTG ACA GTG
A S P G K A T E V R V T V
197 CTT CGG CAG GCT GAC AGC CAG GTG ACT GAA GTC TGT GCG
L R Q A D S Q V T E V C A
236 GCA ACC TAC ATG ATG GGG AAT GAG TTG ACC TTC CTA GAT
A T Y M M G N E L T F L D
275 GAT TCC ATC TGC ACG GGC ACC TCC AGT GGA AAT CAA GTG
D S I C T G T S S G N Q V
314 AAC CTC ACT ATC CAA GGA CTG AGG GCC ATG GAC ACG GGA
N L T I Q G L R A M D T G
353 CTC TAC ATC TGC AAG GTG GAG CTC ATG TAC CCA CCG CCA
L Y I C K V E L M Y P P P
392 TAC TAC CTG GGC ATA GGC AAC GGA ACC CAG ATT TAT GTA
Y Y L G I G N G T Q I Y V
431 ATT GAT CCA GAA CCG TGC CCA GAT TCT GAT CAG GAG CCC
I D P E P C P D S D Q E P
470 AAA TCT TCT GAC AAA ACT CAC ACA TCC CCA CCG TCC CCA
K S S* D K T H T S* P P S* P
Human IgG1 Hinge →
509 GCA CCT GAA CTC CTG GGG GGA TCG TCA GTC TTC CTC TTC
A P E L L G G S* S V F L F
Human IgG1 CH2 Domain →
548 CCC CCA AAA CCC AAG GAC ACC CTC ATG ATC TCC CGG ACC
P P K P K D T L M I S R T

FIG. 1B

```
587  CCT GAG GTC ACA TGC GTG GTG GTG GAC GTG AGC CAC GAA
       P   E   V   T   C   V   V   V   D   V   S   H   E

626  GAC CCT GAG GTC AAG TTC AAC TGG TAC GTG GAC GGC GTG
       D   P   E   V   K   F   N   W   Y   V   D   G   V

665  GAG GTG CAT AAT GCC AAG ACA AAG CCG CGG GAG GAG CAG
       E   V   H   N   A   K   T   K   P   R   E   E   Q

704  TAC AAC AGC ACG TAC CGT GTG GTC AGC GTC CTC ACC GTC
       Y   N   S   T   Y   R   V   V   S   V   L   T   V

743  CTG CAC CAG GAC TGG CTG AAT GGC AAG GAG TAC AAG TGC
       L   H   Q   D   W   L   N   G   K   E   Y   K   C

782  AAG GTC TCC AAC AAA GCC CTC CCA GCC CCC ATC GAG AAA
       K   V   S   N   K   A   L   P   A   P   I   E   K

821  ACC ATC TCC AAA GCC AAA | GGG CAG CCC CGA GAA CCA CAG
       T   I   S   K   A   K | G   Q   P   R   E   P   Q
                              → Human IgG1 CH3 Domain →
860  GTG TAC ACC CTG CCC CCA TCC CGG GAT GAG CTG ACC AAG
       V   Y   T   L   P   P   S   R   D   E   L   T   K

899  AAC CAG GTC AGC CTG ACC TGC CTG GTC AAA GGC TTC TAT
       N   Q   V   S   L   T   C   L   V   K   G   F   Y

938  CCC AGC GAC ATC GCC GTG GAG TGG GAG AGC AAT GGG CAG
       P   S   D   I   A   V   E   W   E   S   N   G   Q

977  CCG GAG AAC AAC TAC AAG ACC ACG CCT CCC GTG CTG GAC
       P   E   N   N   Y   K   T   T   P   P   V   L   D

1016 TCC GAC GGC TCC TTC TTC CTC TAC AGC AAG CTC ACC GTG
       S   D   G   S   F   F   L   Y   S   K   L   T   V

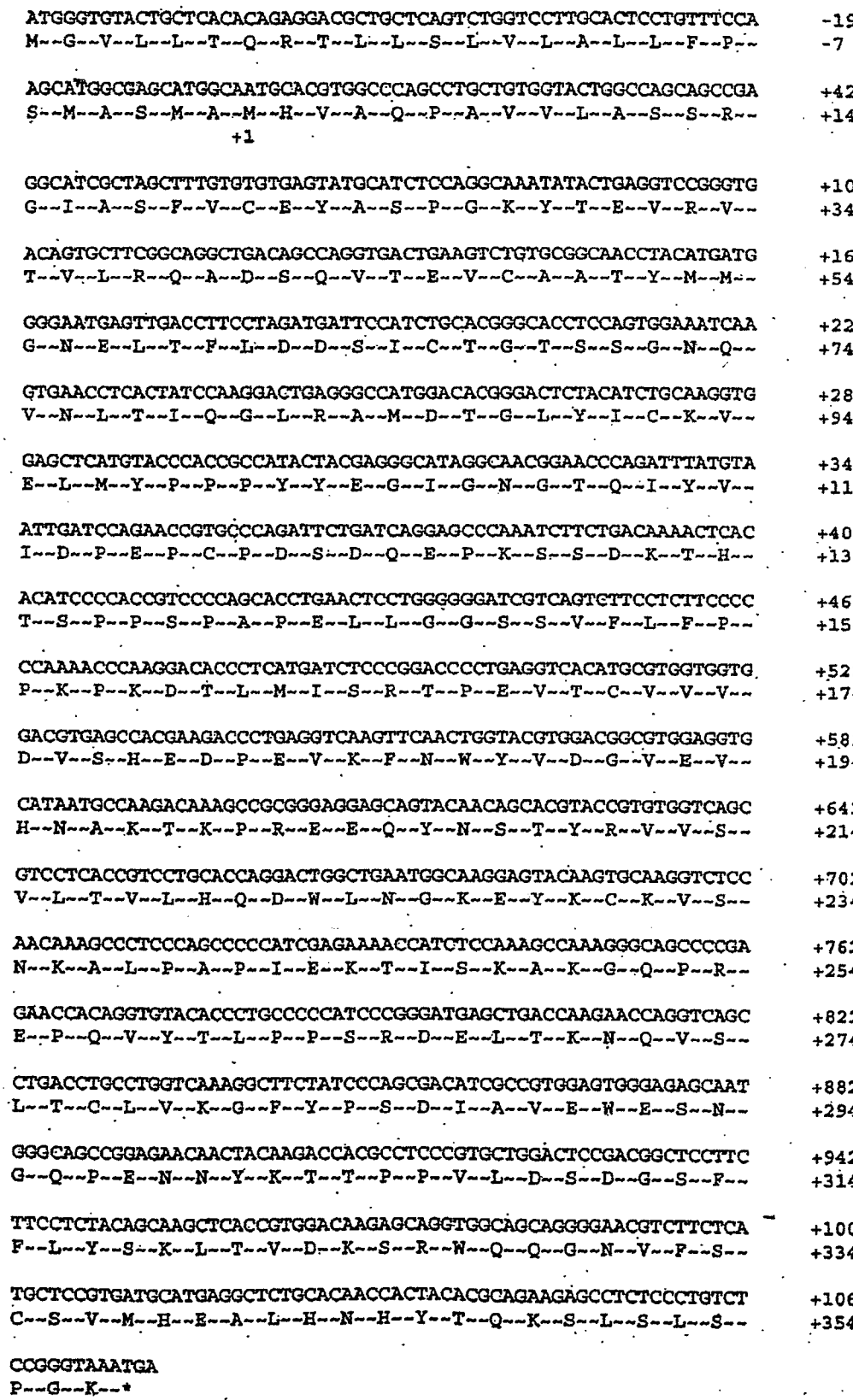
1055 GAC AAG AGC AGG TGG CAG CAG GGG AAC GTC TTC TCA TGC
       D   K   S   R   W   Q   Q   G   N   V   F   S   C

1094 TCC GTG ATG CAT GAG GCT CTG CAC AAC CAC TAC ACG CAG
       S   V   M   H   E   A   L   H   N   H   Y   T   Q

1133 AAG AGC CTC TCC CTG TCT CCG GGT AAA TGA GTGCGACG
       K   S   L   S   L   S   P   G   K   -

1172 GCCGGCAAGC CCCGCTCCCC GGGCTCTCGC GGTCGCAC GAGGATGCTT
1222 CTAGA
```

FIG. 2


ATGGGTGTACTGCTCACACAGAGGACGCTGCTCAGTCTGGTCCTTGCACTCCTGTTTCCA -19
M--G--V--L--L--T--Q--R--T--L--L--S--L--V--L--A--L--L--F--P-- -7
AGCATGGCGAGCATGGCAATGCACGTGGCCCAGCCTGCTGTGGTACTGGCCAGCAGCCGA +42
S--M--A--S--M--A--M--H--V--A--Q--P--A--V--V--L--A--S--S--R-- +14
+1
GGCATCGCTAGCTTTGTGTGTGAGTATGCATCTCCAGGCAAATATACTGAGGTCCGGGTG +102
G--I--A--S--F--V--C--E--Y--A--S--P--G--K--Y--T--E--V--R--V-- +34
ACAGTGCTTCGGCAGGCTGACAGCCAGGTGACTGAAGTCTGTGCGGCAACCTACATGATG +162
T--V--L--R--Q--A--D--S--Q--V--T--E--V--C--A--A--T--Y--M--M-- +54
GGGAATGAGTTGACCTTCCTAGATGATTCCATCTGCACGGGCACCTCCAGTGGAAATCAA +222
G--N--E--L--T--F--L--D--D--S--I--C--T--G--T--S--S--G--N--Q-- +74
GTGAACCTCACTATCCAAGGACTGAGGGCCATGGACACGGGACTCTACATCTGCAAGGTG +282
V--N--L--T--I--Q--G--L--R--A--M--D--T--G--L--Y--I--C--K--V-- +94
GAGCTCATGTACCCACCGCCATACTACGAGGGCATAGGCAACGGAACCCAGATTTATGTA +342
E--L--M--Y--P--P--P--Y--Y--E--G--I--G--N--G--T--Q--I--Y--V-- +114
ATTGATCCAGAACCGTGCCCAGATTCTGATCAGGAGCCCAAATCTTCTGACAAAACTCAC +402
I--D--P--E--P--C--P--D--S--D--Q--E--P--K--S--S--D--K--T--H-- +134
ACATCCCCACCGTCCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGGATCGTCAGTCTTCCTCTTCCCC +462
T--S--P--P--S--P--A--P--E--L--L--G--G--S--S--V--F--L--F--P-- +154
CCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG +522
P--K--P--K--D--T--L--M--I--S--R--T--P--E--V--T--C--V--V--V-- +174
GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG +582
D--V--S--H--E--D--P--E--V--K--F--N--W--Y--V--D--G--V--E--V-- +194
CATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGC +642
H--N--A--K--T--K--P--R--E--E--Q--Y--N--S--T--Y--R--V--V--S-- +214
GTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCC +702
V--L--T--V--L--H--Q--D--W--L--N--G--K--E--Y--K--C--K--V--S-- +234
AACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA +762
N--K--A--L--P--A--P--I--E--K--T--I--S--K--A--K--G--Q--P--R-- +254
GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACCAAGAACCAGGTCAGC +822
E--P--Q--V--Y--T--L--P--P--S--R--D--E--L--T--K--N--Q--V--S-- +274
CTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAAT +882
L--T--C--L--V--K--G--F--Y--P--S--D--I--A--V--E--W--E--S--N-- +294
GGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTC +942
G--Q--P--E--N--N--Y--K--T--T--P--P--V--L--D--S--D--G--S--F-- +314
TTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA +1002
F--L--Y--S--K--L--T--V--D--K--S--R--W--Q--Q--G--N--V--F--S-- +334
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT +1062
C--S--V--M--H--E--A--L--H--N--H--Y--T--Q--K--S--L--S--L--S-- +354
CCGGGTAAATGA
P--G--K--*