1. Antikūno ir vaisto konjugato gamybos būdas, apimantis reakciją junginio, kurio formulė

(maleimid-N-il) -CH2CH2CH2CH2CH2-C(=O)-GGFG-NH-CH2-O-CH2-C(=O)-(NH-DX)

su anti-TROP2 antikūnu arba jo reaktyviu dariniu, kuris buvo gautas redukuojant anti-TROP2 antikūną ir konjuguojant vaisto jungtuko dalį su antikūnu metodu, skirtu tioeterio ryšiui disulfidinės jungties vietoje, esančioje antikūno lanksto dalyje, suformuoti,

kur

(maleimid-N-il)– yra grupė, pavaizduota šia formule:

kur azoto atomas yra jungiamoji pozicija ir

-(NH-DX) yra grupė, pavaizduota šia formule:

kur 1-oje padėtyje esančios amino grupės azoto atomas yra jungiamoji padėtis, ir

-GGFG- reiškia tetrapeptido liekaną -Gly-Gly-Phe-Gly-,

kur anti-TROP2 antikūnas apima CDRH1, sudarytą iš aminorūgščių sekos SEQ ID Nr. 23, CDRH2, sudarytą iš aminorūgščių sekos SEQ ID Nr. 24, ir CDRH3, sudarytą iš aminorūgščių sekos SEQ ID Nr. 25 jo sunkiosios grandinės kintamoje srityje, ir CDRL1, sudarytą iš aminorūgščių sekos SEQ ID Nr. 26, CDRL2, sudarytą iš aminorūgščių sekos SEQ ID Nr. 27, ir CDRL3, sudarytą iš aminorūgščių sekos SEQ ID Nr. 28 jo lengvosios grandinės kintamoje srityje.

2. Būdas pagal 1 punktą, kur antikūno ir vaisto konjugatas turi vaisto ir jungtuko struktūrą, pavaizduotą šia formule:

- (sukcinimid-3-il-N)-CH2CH2CH2CH2CH2‑C(=O)-GGFG-NH-CH2-O-CH2-C(=O)‑(NH-DX),

kuris yra konjuguotas su anti-TROP2 antikūnu per tioeterio jungtį, suformuotą disulfidinės jungties vietoje, esančioje anti-TROP2 antikūno lanksto dalyje,

kur

-(sukcinimid‑3-il-N)- struktūra yra pavaizduota šia formule:

kuris yra prijungtas prie anti-TROP2 antikūno savo 3-čioje pozicijoje, ir yra prijungtas prie metileno grupės jungtuko struktūroje, kurioje yra ši struktūra, prie azoto atomo 1-oje pozicijoje,

- (NH-DX) reiškia grupę, pateiktą šioje formulėje:

kur 1-oje padėtyje esančios amino grupės azoto atomas yra jungiamoji padėtis, ir

-GGFG- žymi tetrapeptido liekaną -Gly-Gly-Phe-Gly-.

3. Būdas pagal 1 arba 2 punktą, kur anti-TROP2 antikūnas apima sunkiąją grandinę ir lengvąją grandinę, pasirinktas iš grupės;

sunkiosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 12 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 140 pozicijų, ir lengvosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 18 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 129 pozicijų,

sunkiosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 14 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 140 pozicijų, ir lengvosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 18 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 129 pozicijų,

sunkiosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 14 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 140 pozicijų, ir lengvosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 20 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 129 pozicijų, ir

sunkiosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 16 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 140 pozicijų, ir lengvosios grandinės kintama sritis, susidedanti iš SEQ ID Nr. 22 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 129 pozicijų.

4. Būdas pagal 1 arba 2 punktą, kur anti-TROP2 antikūnas apima sunkiąją grandinę ir lengvąją grandinę, pasirinktas iš grupės;

sunkioji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 12 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 470 pozicijų, ir lengvoji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 18 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 234 pozicijų,

sunkioji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 14 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 470 pozicijų, ir lengvoji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 18 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 234 pozicijų,

sunkioji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 14 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 470 pozicijų, ir lengvoji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 20 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 234 pozicijų, ir

sunkioji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 16 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 470 pozicijų, ir lengvoji grandinė, susidedanti iš SEQ ID Nr. 22 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 234 pozicijų.

5. Būdas pagal 1 arba 2 punktą, kur anti-TROP2 antikūnas apima sunkiosios grandinės kintamą sritį, susidedančią iš SEQ ID Nr. 12 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 140 pozicijų, ir lengvosios grandinės kintamą sritį, susidedančią iš SEQ ID Nr. 18 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 129 pozicijų.

6. Būdas pagal 1 arba 2 punktą, kur anti-TROP2 antikūnas apima sunkiąją grandinę, susidedančią iš SEQ ID Nr. 12 aminorūgščių sekos nuo 20 iki 470 pozicijų, ir lengvąją grandinę, susidedančią iš SEQ ID Nr. 18 aminorūgščių sekos nuo 21 iki 234 pozicijų.

7. Būdas pagal 4 punktą, kur anti-TROP2 antikūnas neturi lizino liekanos sunkiosios grandinės karboksiliniame gale.

8. Būdas pagal 6 punktą, kur anti-TROP2 antikūnas neturi lizino liekanos sunkiosios grandinės karboksiliniame gale.

9. Būdas pagal bet kurį vieną iš 1–8 punktų, kur vidutinis pasirinktos vienos vaisto ir jungtuko struktūros, konjuguotos su vienu antikūnu, vienetų skaičius yra nuo 2 iki 8.

10. Būdas pagal bet kurį vieną iš 1–8 punktų, kur vidutinis pasirinktos vienos vaisto ir jungtuko struktūros, konjuguotos su vienu antikūnu, vienetų skaičius yra nuo 3 iki 8.